

UNIVERSIDAD DE HUANUCO
ESCUELA DE POSGRADO
PROGRAMA ACADÉMICO DE DOCTORADO EN
CIENCIAS DE LA SALUD



TESIS

**“Análisis comparativo del microbioma oral canino en mascotas
alimentadas con dos tipos de dieta. Huánuco, 2023”**

**PARA OPTAR EL GRADO ACADÉMICO DE DOCTOR EN
CIENCIAS DE LA SALUD**

AUTOR: Cámara Llanos, Frank Erick

ASESOR: Guio Chunga, Heinner Hilario

HUÁNUCO - PERÚ

2025

U

D

H



UDH
UNIVERSIDAD DE HUANUCO
<http://www.udh.edu.pe>

TIPO DEL TRABAJO DE INVESTIGACIÓN:

- Tesis (X)
- Trabajo de Suficiencia Profesional ()
- Trabajo de Investigación ()
- Trabajo Académico ()

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN: Salud Pública
AÑO DE LA LÍNEA DE INVESTIGACIÓN (2020)

CAMPO DE CONOCIMIENTO OCDE:

Área: Ciencias médicas, Ciencias de la salud

Sub área: Ciencias de la salud

Disciplina: Nutrición, Dietética

DATOS DEL PROGRAMA:

Nombre del Grado/Título a recibir: doctor en ciencias de la salud

Código del Programa: P24

Tipo de Financiamiento:

- Propio (X)
- UDH ()
- Fondos Concursables ()

DATOS DEL AUTOR:

Documento Nacional de Identidad (DNI): 44287920

DATOS DEL ASESOR:

Documento Nacional de Identidad (DNI): 09959563

Grado/Título: Grado de doctor en ciencia médicas

Código ORCID: 0000-0003-0078-1188

DATOS DE LOS JURADOS:

Nº	APELLIDOS Y NOMBRES	GRADO	DNI	Código ORCID
1	Palacios Zevallos, Julia Marina	Doctora en ciencias de la salud	22407304	0000-0002-1160-4032
2	Palacios Zevallos, Juana Irma	Doctora en ciencias de la salud	22418566	0000-0003-4163-8740
3	Ortega Buitron, Marisol Rossana	Doctora en ciencias de la salud	43107651	0000-0001-6283-2599



UNIVERSIDAD DE HUANUCO
ESCUELA DE POSGRADO

ACTA DE SUSTENTACIÓN DEL GRADO DE DOCTOR (A) EN CIENCIAS DE LA SALUD

En la ciudad de Huánuco, siendo las 15³⁰ horas del día 03 del mes de Septiembre del año 2025, en Auditorio de la Facultad de Ciencias de la Salud y en cumplimiento de lo señalado en el Reglamento de Grados de Maestría y Doctorado de la Universidad de Huánuco, se reunió el Jurado Calificador integrado por los docentes:

- Dra. Julia Marina PALACIOS ZEVALLOS (PRESIDENTA)
- Dra. Juana Irma PALACIOS ZEVALLOS (SECRETARIA)
- Dra. Marisol Rossana ORTEGA BUITRON (VOCAL)

Nombrados mediante Resolución N°552-2025-D-EPG-UDH, de fecha 01 de setiembre de 2025, para evaluar la sustentación de la tesis intitulada: "ANÁLISIS COMPARATIVO DEL MICROBIOMA ORAL CANINO EN MASCOTAS ALIMENTADAS CON DOS TIPOS DE DIETA. HUÁNUCO, 2023"; presentado (a) por el/la graduando Maestro Frank Erick CÁMARA LLANOS para optar el Grado Académico de Doctor en Ciencias de la Salud.

Dicho acto de sustentación, se desarrolló en dos etapas: exposición y absolución de preguntas; procediéndose luego a la evaluación por parte de los miembros del jurado.

Habiendo absuelto las objeciones que le fueron formuladas por los miembros del Jurado y de conformidad con las respectivas disposiciones reglamentarias, procedieron a deliberar y calificar, declarándolo (a) Aprobado por Unanimidad con el calificativo cuantitativo de 16 y cualitativo de Bueno.

Siendo las 16³⁰ horas del día 03 del mes de Septiembre del año 2025, los miembros del Jurado Calificador firman la presente Acta en señal de conformidad.

PRESIDENTA

Dra. Julia Marina PALACIOS ZEVALLOS
Código ORCID: 0000-0002-1160-4032
DNI: 22407304

SECRETARIA

Dra. Juana Irma PALACIOS ZEVALLOS
Código ORCID: 0000-0003-4163-8740
DNI: 22418566

VOCAL

Dra. Marisol-Rossana ORTEGA BUITRON
Código ORCID: 0000-0001-6283-2599
DNI: 43107651



UNIVERSIDAD DE HUÁNUCO

CONSTANCIA DE ORIGINALIDAD

El comité de integridad científica, realizó la revisión del trabajo de investigación del estudiante: FRANK ERICK CÁMARA LLANOS, de la investigación titulada "Análisis comparativo del microbioma oral canino en mascotas alimentadas con dos tipos de dieta. Huánuco, 2023", con asesor(a) HEINNER GUIO CHUNGA, designado(a) mediante documento: RESOLUCIÓN N° 440-2022-D-EPG-UDH del P. A. de DOCTORADO EN CIENCIAS DE LA SALUD.

Puede constar que la misma tiene un índice de similitud del 14 % verificable en el reporte final del análisis de originalidad mediante el Software Turnitin.

Por lo que concluyo que cada una de las coincidencias detectadas no constituyen plagio y cumple con todas las normas de la Universidad de Huánuco.

Se expide la presente, a solicitud del interesado para los fines que estime conveniente.

Huánuco, 04 de agosto de 2025



RICHARD J. SOLIS TOLEDO
D.N.I.: 47074047
cod. ORCID: 0000-0002-7629-6421



MANUEL E. ALIAGA VIDURIZAGA
D.N.I.: 71345687
cod. ORCID: 0009-0004-1375-5004

188. CÁMARA LLANOS Frank Erick.docx

INFORME DE ORIGINALIDAD

14%	13%	4%	5%
INDICE DE SIMILITUD	FUENTES DE INTERNET	PUBLICACIONES	TRABAJOS DEL ESTUDIANTE

FUENTES PRIMARIAS

1	www.scielo.org.ve Fuente de Internet	2%
2	www.abyntek.com Fuente de Internet	1%
3	bdigital.dgse.uaa.mx:8080 Fuente de Internet	1%
4	docplayer.es Fuente de Internet	1%
5	tesis.ucsm.edu.pe Fuente de Internet	1%



RICHARD J. SOLIS TOLEDO
D.N.I.: 47074047
cod. ORCID: 0000-0002-7629-6421



MANUEL E. ALIAGA VIDURIZAGA
D.N.I.: 71345687
cod. ORCID: 0009-0004-1375-5004

DEDICATORIA

En primer lugar, dedico esta investigación a Dios, quien es el dueño del conocimiento absoluto. También quiero dedicarla a mis padres, quienes siempre me han enseñado e inculcado valores y saberes, a mis abuelos, que me cuidan desde el cielo y a mi queridísimo Goofy quien es mi ángel guardián.

AGRADECIMIENTO

Quiero agradecer, en primer lugar, al Vicerrectorado de Investigación, a cargo de la Mg. Diana Palma, por permitir la realización del concurso de investigación, que facilitó la financiación de mi proyecto. Agradezco también a mi asesor, Heinner Guio Chunga, y al Dr. José Jaramillo Valverde, por su paciencia y apoyo durante todo el proceso de análisis y asesoramiento de los datos obtenidos. Un agradecimiento especial a mis padres, por ser mi gran soporte, y a la Madre de Dios, que sé que ilumina siempre mi camino.

ÍNDICE

DEDICATORIA	II
AGRADECIMIENTO	III
ÍNDICE	IV
ÍNDICE DE TABLAS	VII
ÍNDICE DE FIGURAS	VIII
RESUMEN.....	X
ABSTRACT.....	XII
INTRODUCCIÓN	XIV
CAPITULO I.....	16
PLANTEAMIENTO DE LA INVESTIGACION	16
1.1. DESCRIPCIÓN DEL PROBLEMA.....	16
1.2. FORMULACIÓN DE PROBLEMA	17
1.2.1. PROBLEMA GENERAL.....	17
1.2.2. PROBLEMAS ESPECIFICOS.....	17
1.3. OBJETIVO GENERAL	18
1.4. OBJETIVOS ESPECIFICOS	18
1.5. TRASCENDENCIA DE LA INVESTIGACIÓN / JUSTIFICACIÓN DE LA INVESTIGACIÓN	18
1.5.1. JUSTIFICACIÓN TEÓRICA	18
1.5.2. JUSTIFICACIÓN PRÁCTICA.....	19
1.5.3. JUSTIFICACIÓN METODOLÓGICA.....	19
1.5.4. JUSTIFICACIÓN TÉCNICO-CIENTÍFICA	19
1.6. APOORTE CIENTÍFICO	19
1.7. LIMITACIONES DE LA INVESTIGACIÓN	20
1.8. VIABILIDAD DE LA INVESTIGACIÓN.....	20
CAPITULO II.....	21
MARCO TEORICO	21
2.1. ANTECEDENTES DE LA INVESTIGACIÓN.....	21
2.1.1. ANTECEDENTES INTERNACIONALES	21
2.1.2. ANTECEDENTES NACIONALES	27
2.1.3. ANTECEDENTES LOCALES	29
2.2. BASES TEÓRICAS.....	29

2.2.1.	MICROBIOMA ORAL DEL PERRO	29
2.2.2.	ANÁLISIS DE SECUENCIA METAGENÓMICO	30
2.2.3.	GEN ARNR 16S	30
2.2.4.	SECUENCIACIÓN CLÍNICA METAGENÓMICA	31
2.2.5.	ANÁLISIS TAXONÓMICO	31
2.2.6.	ÍNDICE DE SHANNON.....	32
2.2.7.	EXTRACCIÓN DE ADN A PARTIR DE SALIVA	34
2.2.8.	ALIMENTO BALANCEADO	35
2.2.9.	DIETA EN MASCOTAS	36
2.3.	BASES FILOSÓFICAS	38
2.4.	DEFINICIONES CONCEPTUALES	39
2.5.	SISTEMA DE HIPÓTESIS	41
2.5.1.	HIPÓTESIS GENERAL	41
2.6.	VARIABLES.....	41
2.6.1.	VARIABLE INDEPENDIENTE	41
2.6.2.	VARIABLE DEPENDIENTE	41
2.7.	OPERACIONALIZACION DE VARIABLES.....	42
CAPITULO III		44
MARCO METODOLOGICO		44
3.1.	TIPO DE INVESTIGACIÓN	44
3.1.1.	ENFOQUE.....	44
3.1.2.	ALCANCE O NIVEL.....	44
3.1.3.	DISEÑO	44
3.2.	POBLACIÓN Y MUESTRA.....	45
3.2.1.	POBLACIÓN	45
3.2.2.	MUESTRA.....	46
3.3.	TÉCNICAS E INSTRUMENTOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS	46
3.4.	TÉCNICAS PARA EL PROCESAMIENTO Y ANÁLISIS DE INFORMACIÓN	47
CAPITULO IV		49
RESULTADOS.....		49
4.1.	RESULTADOS DESCRIPTIVOS.....	49
4.2.	ANÁLISIS INFERENCIAL.....	79
CAPITULO V		87

DISCUSIÓN DE RESULTADOS	87
CONCLUSIONES	93
RECOMENDACIONES	95
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	97
ANEXOS.....	105

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Edad y Sexo de Pacientes considerados dentro de la Investigación	49
Tabla 2. Tipo de alimento, marcas comerciales y composición de dieta casera.....	52
Tabla 3. Abundancia relativa del PHYLUM.....	53
Tabla 4. Abundancia relativa del taxon Clase para canes alimentados con Dieta comercial y Dieta balanceada.....	55
Tabla 5. Abundancia relativa del taxon Orden para canes alimentados con Dieta comercial y Dieta balanceada.....	57
Tabla 6. Abundancia relativa del taxon Familia para canes alimentados con Dieta comercial y Dieta balanceada.....	60
Tabla 7. Abundancia relativa del taxon Género para canes alimentados con Dieta comercial y Dieta balanceada.....	64
Tabla 8. Abundancia relativa de especies de la microbiota oral en canes alimentados con dieta comercial y dieta balanceada.....	67
Tabla 9. Índice de Biodiversidad Observada	78
Tabla 10. Prueba de normalidad a los índices de Biodiversidad	79
Tabla 11. Prueba de Mann Whitney	80
Tabla 12. Prueba de Anosin.....	82

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Edad y Sexo de los canes evaluados. (H=Hembra; HE=Hembra esterilizada; M=Macho; MC=Macho castrado)	49
Figura 2. Representación de las razas de perros en la población del estudio (n=60), lo que indica un predominio de perros mestizos («criollos») en la evaluación de la microbiota oral.....	50
Figura 3. Datos clínicos de 30 canes alimentados con comida casera y alimento balanceada.....	51
Figura 4. Halitosis en canes examinados antes del hisopado oral para la extracción de muestra.....	52
Figura 5. Distribución de los 20 Phylum más abundantes en la microbiota de canes alimentados con dieta casera (C) y balanceada (B). Se presenta un barplot comparando la abundancia relativa de cada Phylum según el tipo de dieta recibida por los animales.....	54
Figura 6. Distribución de las 10 clases taxonómicas más abundantes en la microbiota de canes alimentados con dieta casera (C) y balanceada (B). Se presenta un barplot comparando la abundancia relativa de cada clase según el tipo de dieta recibida por los animales	56
Figura 7. Distribución de los 10 Ordenes más abundantes en la microbiota de canes alimentados con dieta casera (C) y balanceada (B). Se presenta un barplot comparando la abundancia relativa de cada orden según el tipo de dieta recibida por los animales	60
Figura 8. Distribución de las 10 Familias más abundantes en la microbiota de canes alimentados con dieta casera (C) y balanceada (B). Se presenta un barplot comparando la abundancia relativa de cada Familia según el tipo de dieta recibida por los animales.....	63
Figura 9. Distribución de los 20 Géneros más abundantes en la microbiota de canes alimentados con dieta casera (C) y balanceada (B). Se presenta un barplot comparando la abundancia relativa de cada Genero según el tipo de dieta recibida por los animales.....	66
Figura 10. Distribución de 10 Especies más abundantes en la microbiota de canes alimentados con dieta casera (C) y balanceada (B). Se presenta un	

barplot comparando la abundancia relativa de cada Especie según el tipo de dieta recibida por los animales	70
Figura 11. Mapa de calor de grupos de abundancia taxonómica familia.....	71
Figura 12. Mapa de calor de grupos de abundancia taxonómica género.....	73
Figura 13. Mapa de calor de grupos de abundancia taxonómica especie.....	75
Figura 14. Diagrama de Venn	76
Figura 15. Árbol filogenético relación Phylum -Género.....	77
Figura 16. Diagrama de cajas Índice de alfa	80
Figura 17. Diagrama Índice de Beta	81
Figura 18. Prueba T-test entre grupos.....	81
Figura 19. Método de grupos de pares no ponderados con media aritmética (UPGMA)	83
Figura 20. Análisis con MetagenomeSeq	84
Figura 21. Histograma de puntuaciones (LDA) Análisis discriminante lineal	85
Figura 22. Cladograma.....	86

RESUMEN

Este estudio investiga el impacto de 2 tipos de dietas en el microbioma oral de los caninos. La investigación pretende determinar cómo el tipo de dieta (casera vs. balanceada) influye en la abundancia y diversidad de taxones microbianos en la cavidad oral.

Se recogió saliva e hisopos bucales de 60 perros sometidos a análisis clínicos rutinarios. Los criterios de inclusión fueron perros clínicamente sanos, de edades comprendidas entre 1 y 5 años. Las muestras se analizaron mediante secuenciación del ARNr 16S para identificar y cuantificar las comunidades microbianas. Se utilizaron pruebas estadísticas, incluida la prueba de Mann-Whitney, para determinar la influencia del tipo de dieta en la biodiversidad del microbioma oral canino. Además, se emplearon pruebas estadísticas multivariantes como la prueba T para comparar los grupos.

El análisis reveló diferencias significativas en la abundancia relativa de géneros bacterianos específicos entre los dos grupos de dieta. Los perros alimentados con una dieta balanceada mostraron una mayor abundancia relativa de *Pseudomonas* en comparación con los alimentados con una dieta casera. Por el contrario, los perros alimentados con una dieta casera mostraron una mayor abundancia de *Porphyromonas cangingivalis*, *Porphyromonas gingivicanis* y *Porphyromonas canoris*. Los índices de Shannon y Simpson mostraron diferencias extremadamente significativas ($p < 0,05$) entre los grupos comparados. El valor p de $7,525 \times 10^{-21}$ indica que las medianas no son iguales).

Estos hallazgos sugieren que la composición de la dieta afecta significativamente al microbioma oral canino, con implicaciones potenciales para la salud oral. Sin embargo, las dietas influyeron en la microbiota, pero no drásticamente según la Prueba de Anosin ($R = 0,18$), lo que sugiere que otros factores como la edad, la raza, el medio ambiente o la genética podrían contribuir a la variabilidad.

Este estudio proporciona pruebas de que la composición de la dieta puede influir en el microbioma oral canino. Las diferencias observadas en la

composición microbiana y la diversidad entre los perros alimentados con dietas caseras frente a dietas equilibradas destacan la importancia de considerar la dieta como un factor en la salud oral canina. Es necesario seguir investigando las consecuencias funcionales de estas diferencias microbianas relacionadas con la dieta y determinar las estrategias dietéticas óptimas para promover un microbioma oral sano en los perros.

Palabras clave: Canino, microbioma oral, dieta, secuenciación del ARNr 16S, diversidad microbiana.

ABSTRACT

This study investigates the impact of 2 types of diets on the oral microbiome of canines. The investigation aims to determine how diet type (homemade vs. balanced) influences the abundance and diversity of microbial taxa in the oral cavity.

Saliva and buccal swabs were collected from 60 dogs undergoing routine clinical analysis. Inclusion criteria were clinically healthy dogs, aged between 1 and 5 years. Samples were analyzed by 16S rRNA sequencing to identify and quantify microbial communities. Statistical tests, including the Mann-Whitney test, were used to determine the influence of diet type on the biodiversity of the canine oral microbiome. In addition, multivariate statistical tests such as the t-test were used to compare the groups.

The analysis revealed significant differences in the relative abundance of specific bacterial genera between the two diet groups. Dogs fed a balanced diet showed a higher relative abundance of *Pseudomonas* compared to those fed a homemade diet. In contrast, dogs fed a homemade diet showed a higher abundance of *Porphyromonas cangingivalis*, *Porphyromonas gingivicanis* and *Porphyromonas canoris*. Shannon's and Simpson's indices showed extremely significant differences ($p < 0.05$) between the groups compared. The p-value of 7.525×10^{-21} indicates that the medians are not equal).

These findings suggest that diet composition significantly affects the canine oral microbiome, with potential implications for oral health. However, diets influenced the microbiota, but not dramatically ($R = 0.18$), suggesting that other factors such as age, breed, environment, or genetics could contribute to variability.

This study provides evidence that diet composition can influence the canine oral microbiome (Comparative Analysis Of The Canine Oral Microbiome In Pets Fed Two Diet Types, 2023). The observed differences in microbial composition and diversity between dogs fed homemade versus balanced diets highlight the importance of considering diet as a factor in canine oral health (Comparative Analysis Of The Canine Oral Microbiome In Pets Fed

Two Diet Types, 2023). Further research is needed to investigate the functional consequences of these diet-related microbial differences and to determine optimal dietary strategies to promote a healthy oral microbiome in dogs.

Keywords: Canine, oral microbiome, diet, 16S rRNA sequencing, microbial diversity.

INTRODUCCIÓN

En los últimos años, la relación entre los seres humanos y sus animales de compañía ha cobrado una relevancia significativa, en especial en lo referente al cuidado integral de la salud de estos miembros del hogar. Uno de los aspectos más críticos de dicho cuidado es la alimentación, la cual puede ejercer efectos directos e indirectos en distintos sistemas biológicos del animal. Los perros, en particular, son alimentados actualmente con una amplia gama de productos que incluyen tanto alimentos balanceados comerciales como dietas caseras preparadas por sus propietarios.

La calidad y composición de estos alimentos no solo impactan en parámetros nutricionales clásicos como el crecimiento, el desarrollo y el estado corporal, sino que además ejercen una influencia profunda sobre el microbioma del animal. El microbioma es el conjunto de microorganismos que habitan en diferentes partes del cuerpo, siendo la cavidad oral uno de los nichos microbianos más complejos e importantes. Este sistema microbiano desempeña un papel fundamental en la digestión inicial, la defensa frente a patógenos y en la modulación de la respuesta inmune; su equilibrio es esencial para conservar la salud bucal y, por ende, el bienestar general del individuo.

Diversos factores pueden modificar la composición y diversidad de la microbiota oral, entre los que destacan la higiene, el entorno, los tratamientos médicos y, con especial importancia, la dieta. Cambios en los patrones alimenticios pueden alterar la estabilidad del ecosistema microbiano oral, incrementando o reduciendo la prevalencia de especies benéficas o patógenas, lo que se traduce en consecuencias medibles sobre la salud bucodental, como la aparición de enfermedades periodontales, mal aliento y otros problemas sistémicos relacionados.

Debido a la estrecha relación entre dieta y microbiota oral, surge la necesidad de estudios que comparen el impacto de diferentes regímenes alimenticios en la ecología microbiana de los perros domésticos. Esto permitirá comprender a qué riesgos están expuestas nuestras mascotas

diariamente y cómo las elecciones alimenticias pueden influir, positiva o negativamente, en su salud bucal y general.

El presente estudio tiene como objetivo determinar si existen diferencias significativas en la composición de la microbiota oral entre perros alimentados con comida casera y aquellos que consumen alimento balanceado comercial, aportando información valiosa para veterinarios, propietarios y la comunidad científica interesada en la salud animal.

CAPITULO I

PLANTEAMIENTO DE LA INVESTIGACION

1.1. DESCRIPCIÓN DEL PROBLEMA

Los avances recientes en las tecnologías de secuenciación de próxima generación han permitido un análisis integral de la microbiota intestinal, que está estrechamente relacionada con la salud del huésped. En consecuencia, varios estudios han explorado los factores que afectan la composición de la microbiota intestinal y de otros compartimientos. En los últimos años, un número creciente de dueños de perros están alimentando a sus mascotas con una dieta natural, es decir, una que consiste en huesos, carne cruda (como pollo y ternera) y verduras, en lugar de alimentos comerciales. Sin embargo, el efecto de estas dietas sobre la microbiota oral de los perros (*Canis lupus familiaris*) no está claro ⁽¹⁾.

Gran parte de la información publicada sobre la patogenia de las reacciones adversas a los alimentos en estas especies proviene de lo que se conoce en ratones y seres humanos. Los signos clínicos afectan principalmente al tegumento, sistema gastrointestinal y cavidad oral. Muchos estudios indicaron que el consumo de dieta tiene un efecto importante en la formación del microbioma oral y la enfermedad periodontal. Las dietas blandas húmedas se han asociado con la prevalencia y la gravedad de la enfermedad periodontal en gatos y perros. Por lo tanto, se recomienda que la alimentación con dieta de alimentos secos tenga un efecto positivo en la salud bucal y reduzca la formación de residuos dentales y la enfermedad periodontal ⁽²⁾.

La participación de potenciales bacterias zoonóticas y periodontopáticas en la flora oral de gatos y perros puede causar problemas de salud pública debido a infecciones de heridas por mordeduras ⁽³⁾. Las tasas de infección oscilan entre el 4-25% y el 20-50% en el caso de heridas por mordedura de perros y gatos, y los síntomas aparecen en 24 h. Además, las mordeduras también pueden causar una infección sistémica que provoca un 6,7 % de

muerdes al año ⁽⁴⁾. En promedio, hasta el 15-20 % de las mordeduras de perro y aproximadamente el 30-50 % de las mordeduras de gato se han infectado ⁽⁵⁾.

Sin embargo, cabe resaltar el alto grado de humanización que los dueños hoy en día tienen con sus mascotas, lo cual provoca comportamientos seriamente preocupantes para la salud, uno de ellos el lamido por parte de los perros hacia sus dueños en la boca; lo que provoca en el animal libera endorfinas lo que significa que los hace felices. Como es bien sabido, los perros pueden sentir los sentimientos y el estado de ánimo del dueño. Si usted está triste o molesto, su perro puede empezar a besarle para reducir su nivel de estrés y animarte, este tipo de comportamientos se vuelve una preocupación tanto para la salud del dueño del perro o de los niños en casa. Describir el microbioma bucal de los canes con 2 tipos de alimentación y relacionar la flora microbiana existente con el tipo de alimentación.

La presente investigación buscó identificar vacíos que se tienen del cómo es la variación de la microbiota oral de acuerdo al tipo de alimentación, del mismo modo factores que alteren estos cambios, como propios del animal, como es el grado de estrés en el que viven. Hoy en día los perros forman parte del lugar en el que vivimos, nos une un vínculo tan grande que consideramos a esta especie como un integrante más de la familia.

1.2. FORMULACIÓN DE PROBLEMA

1.2.1. PROBLEMA GENERAL

¿Cuáles son las diferencias existentes en el microbioma oral canino de mascotas alimentadas con dos tipos de dieta en Huánuco, 2023?

1.2.2. PROBLEMAS ESPECIFICOS

1. ¿Cuál es la abundancia de los taxones microbianos identificados en el análisis de la fracción 16S de las mascotas alimentadas con dos tipos de dieta?
2. ¿Cuál es la diversidad alfa, OTU y beta de especies identificadas en las mascotas alimentadas con dos tipos de dieta?

3. ¿Qué características clínicas de los canes en evaluación se relacionan con algún cambio en el microbioma oral de las mascotas alimentadas con dos tipos de dieta?

1.3. OBJETIVO GENERAL

Identificar las diferencias existentes del microbioma oral canino en mascotas alimentados con dos tipos de dieta; Huánuco 2023.

1.4. OBJETIVOS ESPECIFICOS

1. Determinar la abundancia relativa de los taxones microbianos identificados mediante análisis de la fracción 16S en las mascotas alimentadas con dos tipos diferentes de dieta
2. Evaluar la diversidad alfa, el número de Unidades Taxonómicas Operacionales (OTU) y la diversidad beta de especies presentes en las mascotas alimentadas con dos tipos de dieta.
3. Analizar la relación entre las características clínicas de los canes y los cambios observados en el microbioma oral de las mascotas alimentadas con dos tipos de dieta.

1.5. TRASCENDENCIA DE LA INVESTIGACIÓN / JUSTIFICACIÓN DE LA INVESTIGACIÓN

1.5.1. JUSTIFICACIÓN TEÓRICA

La presente investigación contribuye al conocimiento teórico sobre la microbiota oral en perros (*Canis familiaris*), específicamente en relación con la influencia de diferentes tipos de dieta (comercial y casera) en la composición y diversidad del microbioma oral. Este análisis permite profundizar en la comprensión de las interacciones microbianas en la cavidad oral canina y cómo estas pueden variar según la alimentación, aportando evidencia científica que puede servir de base para futuras investigaciones en microbiología veterinaria, nutrición animal y salud pública.

1.5.2. JUSTIFICACIÓN PRÁCTICA

Desde una perspectiva práctica, el estudio tiene un impacto directo en la salud y bienestar de las mascotas, al identificar qué tipo de dieta puede favorecer una microbiota oral más saludable y reducir el riesgo de enfermedades bucales y sistémicas. Esto permitirá a veterinarios, propietarios y la industria alimentaria tomar decisiones informadas sobre la alimentación adecuada para perros, promoviendo la prevención de patologías y mejorando la calidad de vida de los animales.

1.5.3. JUSTIFICACIÓN METODOLÓGICA

Metodológicamente, la investigación destaca por la aplicación rigurosa de técnicas modernas de análisis Metagenómico y bioinformático para caracterizar el microbioma oral, así como por la integración de la revisión bibliográfica como herramienta fundamental para generar hipótesis y diseñar propuestas de intervención.

1.5.4. JUSTIFICACIÓN TÉCNICO-CIENTÍFICA

En el ámbito técnico-científico, el estudio se apoya en el uso de tecnologías avanzadas de secuenciación y análisis genómico que permiten una caracterización precisa y detallada del microbioma oral. La colaboración entre profesionales de distintas áreas (veterinaria, odontología, genética e inmunología) asegura un abordaje integral y especializado, que enriquece la calidad científica del trabajo y contribuye al desarrollo del laboratorio de genética de la Universidad de Huánuco, fortaleciendo su capacidad para realizar investigaciones de alto nivel.

1.6. APOORTE CIENTÍFICO

Este estudio aporta al conocimiento científico al proporcionar datos originales sobre la composición, riqueza y diversidad del microbioma oral en perros bajo diferentes regímenes alimenticios en el contexto peruano. Además, identifica posibles microorganismos con potencial zoonótico, lo que tiene implicancias para la salud pública. Los resultados obtenidos amplían la base de datos microbiológicos en animales domésticos y ofrecen evidencia

para futuras investigaciones y desarrollos en nutrición, salud animal y prevención de enfermedades. Actualmente, estos hallazgos están siendo difundidos a través de publicaciones en revistas científicas, lo que contribuye a la visibilidad y reconocimiento del trabajo en la comunidad académica nacional e internacional.

1.7. LIMITACIONES DE LA INVESTIGACIÓN

Las limitaciones que tuvo este estudio, es la falta de información del microbioma de la cavidad oral de los canes, la falta de referencias o estudios que se hayan realizado en Latinoamérica y un protocolo exacto para la extracción del microbioma oral canino; esta limitante fue superada ya que las muestras se enviaron al laboratorio INBIOMEDIC en lima; especialistas en pruebas genéticas.

1.8. VIABILIDAD DE LA INVESTIGACIÓN

El estudio fue viable debido a que contó con el presupuesto destinado por el área de investigación de la Universidad de Huánuco.

CAPITULO II

MARCO TEORICO

2.1. ANTECEDENTES DE LA INVESTIGACIÓN

2.1.1. ANTECEDENTES INTERNACIONALES

En Estados Unidos, en 2023, Templeton et al. desarrollaron un estudio titulado “*Análisis longitudinal del microbioma oral canino mediante secuenciación del genoma completo en perros de compañía mayores*” ⁽⁷⁾. La **metodología** trató de un estudio longitudinal en el que se incluyó una muestra de diez perros domésticos de edad avanzada, a quienes se les tomaron muestras bucales dos o tres veces durante un periodo de 24 meses. Estas muestras fueron procesadas mediante secuenciación completa del genoma (WGS), y en cada punto de muestreo se evaluó el estado cognitivo de los animales. Los **resultados** mostraron que hubo un aumento estadísticamente significativo en la diversidad alfa de especies bacterianas y fúngicas entre la primera y la última toma de muestras. Las cepas bacterianas más frecuentes fueron *Bacteroidetes* y *Proteobacteria*, siendo *Porphyromonas gulae* la especie más predominante (11,6% del total de lecturas). Además, *Lactobacillus gasseri* presentó un aumento significativo con la edad, y *Leptotrichia sp.* Taxón oral 212 mostró una asociación positiva significativa con la puntuación cognitiva a lo largo del estudio. Se **concluye** que el envejecimiento en perros mayores está asociado con un aumento de la diversidad alfa y una disbiosis oral casi universal, sugiriendo que la microbiota oral, especialmente las especies *Leptotrichia*, *P. gulae* y *P. gingivalis*, podría tener un papel relevante en el envejecimiento y el síndrome de disfunción cognitiva canina. Este antecedente es **relevante** para la presente investigación, ya que proporciona información sobre los cambios longitudinales en la composición del microbioma oral en perros geriátricos, aportando datos clave para comprender la relación entre alteraciones microbianas, edad y salud cognitiva.

En Brasil, en 2023, Portilho et al. desarrollaron un estudio titulado “Complejidad microbiana de la cavidad bucal de perros sanos identificada mediante espectrometría de masas y secuenciación de próxima generación” ⁽⁸⁾. En cuanto a su **metodología** el estudio fue descriptivo en el que participaron 100 perros sanos, con el objetivo de identificar los organismos bacterianos y fúngicos presentes en su cavidad bucal. Para ello, se empleó una combinación de cultivos microbiológicos convencionales y selectivos, espectrometría de masas mediante MALDI-TOF MS y secuenciación de última generación. Además, se evaluaron los patrones de sensibilidad antibiótica in vitro de los aislados bacterianos y la presencia del gen de resistencia mec A. Como **resultados**, se aislaron 213 bacterias y 20 hongos, siendo *Staphylococcus pseudintermedius* (40%), estreptococos α -hemolíticos (37%) y *Pasteurella stomatis* (22%) las bacterias más frecuentes por cultivo y MALDI-TOF MS, mientras que *Aspergillus* fue el hongo detectado con mayor frecuencia (10%). Tras la secuenciación de última generación en una submuestra de 20 perros, predominaron los géneros *Porphyromonas*, *Moraxella*, *Fusobacterium*, *Conchiformibius*, *Bergeyella*, *Campylobacter* y *Capnocytophaga*. Además, se observó una alta tasa de multirresistencia en *Staphylococcus pseudintermedius*, especialmente frente a azitromicina, penicilina y sulfametoxazol/trimetoprim, detectándose el gen mec A en el 6,1% de los estafilococos coagulasa positivos. Este antecedente resulta **relevante** para la presente investigación porque resalta la alta complejidad y diversidad del microbioma bucal en perros sanos, así como la presencia de microorganismos multirresistentes y potencialmente zoonóticos, aportando referencia para el análisis de riesgos de transmisión y resistencia antimicrobiana en estudios sobre microbiota oral canina.

En China, en 2022, Zheng et al. desarrollaron un estudio titulado “Relación entre el microbioma tumoral, las bacterias orales y la disbiosis intestinal en el tumor mamario canino” ⁽¹⁰⁾. En su **metodología** fue un estudio observacional, en el que se recolectaron 91 tumores, junto con

21 muestras orales y 21 fecales de perros con tumor mamario canino (CMT), además de 31 muestras orales y 21 fecales de perros sanos como grupo control. La comunidad bacteriana intratumoral, oral e intestinal se caracterizó mediante secuenciación de alto rendimiento del ARNr 16S y herramientas bioinformáticas, permitiendo así perfilar y comparar la composición microbiana entre los diferentes grupos. Los principales **resultados** indicaron que los géneros bacterianos predominantes en los tumores fueron *Ralstonia*, *Allorhizobium*, *Neorhizobium*, *Pararhizobium*, *Rhizobium*, *Pseudomonas*, *Chloroplast* no identificado y *Bacteroides*. Además, se observaron cambios notables en la composición de la microbiota oral e intestinal en los perros con CMT respecto a los sanos, evidenciando un aumento significativo de *Bacteroides* como biomarcador en ambas comunidades. El estudio concluye que *Bacteroides* se comparte entre las bacterias intratumorales, orales e intestinales, lo que sugiere que la microbiota podría migrar de la boca al intestino y finalmente al tejido tumoral mamario distante. Este antecedente resulta **relevante** para el presente estudio, ya que aporta evidencia de la relación entre el microbioma oral y procesos patológicos sistémicos, apoyando la importancia de considerar la composición bacteriana oral en la investigación de salud y enfermedad en perros.

En Inglaterra, en 2022, Oba et al. desarrollaron un estudio titulado “Poblaciones de microbiota oral de perros adultos que consumen alimentos húmedos o secos”⁽¹¹⁾. En cuanto a la **metodología** se trata de un estudio experimental en el cual se examinó a doce perros adultos que fueron alimentados durante seis semanas con comida seca (extruida) o húmeda (enlatada) de tipo comercial. Para la metodología, se recolectaron muestras de aliento para el análisis de compuestos de azufre, un veterinario ciego evaluó la presencia de placa, sarro y gingivitis, se midió el pH salival, y se obtuvieron muestras de placa supragingival y subgingival para el análisis de la microbiota mediante extracción de ADN y secuenciación Illumina. Los datos filogenéticos fueron analizados mediante la plataforma bioinformática CosmosID y el

software SAS 9.4, considerando $P < 0,05$ como significativo y $P < 0,10$ como tendencia. Entre los **resultados**, se observó que la cobertura de placa tendió a ser mayor en los perros alimentados con comida húmeda en comparación con los que recibieron comida seca, aunque no se detectaron diferencias significativas en otros parámetros de salud bucal. Los perros alimentados con comida seca presentaron un pH salival más alto y menores concentraciones de azufre en el aliento, lo que sugiere mejor aliento. Además, la diversidad alfa bacteriana fue mayor en la placa supragingival que en la subgingival y, mediante el análisis de coordenadas principales (PCoA), se observó una clara separación de la diversidad beta entre tipos de muestra y dietas. Se **concluyó** que las bacterias asociadas a la salud bucal, como *Pasteurella*, *Capnocytophaga* y *Corynebacterium*, eran más frecuentes en los perros alimentados con pienso seco, mientras que aquellas vinculadas a mala salud bucal (como *Fretibacterium fastidiosum*, *Filifactor alocis*, *Treponema medium*, *Tannerella forsythia*, *Porphyromonas canoris* y *Porphyromonas gingivalis*) eran menos frecuentes en este grupo de perros. Este antecedente aporta evidencia **relevante** al presente estudio, al demostrar que la dieta influye tanto en la composición de la microbiota bucal como en la salud oral, sirviendo de base para la evaluación de intervenciones nutricionales orientadas a disminuir el riesgo de enfermedad periodontal en perros.

En Suiza, en 2022, Rostaher et al. desarrollaron un estudio titulado “Comparación del microbioma intestinal entre perros atópicos y sanos: datos preliminares”⁽¹²⁾. Su **metodología** trató de un estudio experimental preliminar en el que participaron perros beagle adultos, conformando dos grupos: uno de perros con dermatitis atópica espontánea ($n = 3$) y otro grupo control sano ($n = 4$). Se recolectaron muestras de heces en los días 0 y 30. Después del primer muestreo, los perros atópicos recibieron tratamiento oral diario con oclacitinib durante 30 días, tras lo cual se realizó el segundo muestreo. Para el análisis, se llevó a cabo la secuenciación de la región V3-V4 del gen 16S rRNA en la plataforma Illumina MiSeq, y los datos se procesaron utilizando

QIIME2. Como **resultados** principales, los perros atópicos presentaron una alfa-diversidad significativamente menor de la microbiota intestinal en comparación con los perros sanos ($p = 0,033$). Se observó una mayor abundancia de las familias *Lachnospiraceae*, *Anaerovoracaceae* y *Oscillospiraceae*, así como de los géneros *Lachnospira*, grupo *Ruminococcus* torques, *Fusobacterium* y *Fecalibacterium* en el grupo sano, mientras que en los perros alérgicos, las abundancias relativas de *Conchiformibius*, *Catenibacterium* spp., grupo *Ruminococcus* gnavus y *Megamonas* fueron superiores. Las diferencias observadas en la diversidad y composición se mantuvieron tras 30 días y el tratamiento con oclacitinib no generó cambios relevantes. Este antecedente es útil para el presente estudio, ya que destaca cómo las alteraciones de la microbiota intestinal podrían asociarse con la dermatitis atópica canina y subraya la importancia de evaluar la relación microbioma-intestino-piel en perros, ofreciendo parámetros comparativos para futuras investigaciones orientadas a la modulación de la microbiota en enfermedades atópicas.

En California, en 2021, Niemiec et al. ⁽⁶⁾, desarrollaron un estudio titulado “*El bacterioma de la cavidad oral en perros sanos y perros con enfermedad periodontal*”. En su **metodología** el estudio es observacional, en el cual participaron perros sin enfermedad periodontal ($n=12$) y con enfermedad periodontal leve ($n=10$), moderada ($n=19$) o grave ($n=10$). A cada animal se le tomó una muestra de la arcada maxilar usando un hisopo estéril, que posteriormente fue procesado mediante secuenciación de ADN de próxima generación dirigida a la región V1-V3 del gen 16S rRNA para identificar y cuantificar las bacterias presentes. Los **resultados** identificaron 714 especies bacterianas, agrupadas en 177 familias; las especies detectadas con mayor frecuencia fueron *Actinomyces* sp, *Porphyromonas cangingivalis* y *Campylobacter* sp. Se halló que *Porphyromonas cangingivalis* y *Campylobacter* sp constituían parte del microbioma central de todos los grupos, mientras que *Porphyromonas gulae* se encontró significativamente enriquecida en perros con enfermedad periodontal grave. Además, en este último grupo,

Christensenellaceae sp, *Bacteroidales* sp, *Family XIII* sp, *Methanobrevibacter oralis*, *Peptostreptococcus canis* y *Tannerella* sp conformaron un microbioma central único. Los autores **concluyeron** que los perros pueden presentar patógenos potenciales como miembros comunes del bacterioma oral aun en ausencia de enfermedad, y que los cambios en la abundancia relativa de ciertos microorganismos pueden asociarse con la severidad de la enfermedad periodontal. Este antecedente **contribuye** a la presente investigación al proporcionar un marco de referencia sobre la diversidad bacteriana oral en perros y su relación con distintos estadios de enfermedad periodontal, facilitando la comparación de resultados y la identificación de microorganismos clave asociados a dicha patología.

En Estados Unidos, en 2021, Oba et al. desarrollaron un estudio titulado “*Los masticables dentales modifican positivamente la microbiota bucal de los perros adultos*” ⁽⁹⁾. En cuanto a su **metodología** este estudio experimental utilizó un diseño de cuadrado latino 4 × 4 replicado con periodos de 28 días, incluyó doce perros beagle adultos (edad media = 5,31 ± 1,08 años), divididos en cuatro grupos de tratamiento: solo dieta (CT), dieta más Bones & Chews Dental Treats (BC), dieta más Dr. Lyon’s Grain-Free Dental Treats (DL) y dieta más Greenies Dental Treats (GR). Cada perro recibió diariamente un masticable dental, y las muestras de aliento se analizaron el día 27 para determinar la concentración de compuestos de azufre volátiles con un halímetro. En cada período, un dentista veterinario evaluó la presencia de placa, cálculo y gingivitis el día 28, y se tomaron muestras salivares, subgingivales y supragingivales para el análisis de microbiota por Illumina MiSeq. El análisis estadístico se realizó con SAS (versión 9.4), utilizando modelos mixtos y considerando un valor de P < 0,05 como significativo. Los **resultados** mostraron que todos los perros que consumieron masticables dentales presentaron menor espesor y cobertura de cálculo, profundidad de bolsa, sangrado, placa y halitosis en comparación con el grupo control. Asimismo, los perros control mostraron mayor abundancia relativa de bacterias potencialmente patógenas (*Porphyromonas*, *Anaerovorax*,

Desulfomicrobium, *Tannerella*, *Treponema*) y menor presencia de géneros asociados a la salud oral (*Neisseria*, *Corynebacterium*, *Capnocytophaga*, *Actinomyces*, *Lautropia*, *Bergeyella* y *Moraxella*) en comparación con aquellos tratados con masticables. Específicamente, el grupo DL redujo la presencia de *Porphyromonas* y *Treponema* y aumentó *Corynebacterium* y *Actinomyces*, mientras que GR, además de reducir *Treponema*, favoreció el aumento de *Actinomyces* y *Neisseria*. Este antecedente resulta **relevante** para la investigación actual, pues demuestra que los masticables dentales pueden modificar de manera beneficiosa la microbiota oral en perros adultos, contribuyendo potencialmente a la prevención de enfermedad periodontal a través de la disminución de bacterias patógenas y el fortalecimiento de géneros asociados a la salud oral.

2.1.2. ANTECEDENTES NACIONALES

En Lima, en 2025, Pacherras Nieto et al. desarrollaron un estudio titulado “*Evaluación de resistencia antimicrobiana de enterobacterias en Chelonoidis denticulata criados en cautiverio en el Patronato Parque de Las Leyendas, Lima - Perú.*” ⁽¹⁴⁾. La **metodología** trató de un estudio descriptivo, en el que se tomaron hisopados cloacales de 44 ejemplares de tortuga terrestre *Chelonoidis denticulata* mantenidos en el Patronato Parque de Las Leyendas, Lima, con el objetivo de determinar la presencia y el perfil de resistencia antimicrobiana de enterobacterias. Las muestras se cultivaron en medios selectivos y se identificaron géneros bacterianos mediante pruebas bioquímicas específicas. Los **resultados** identificaron seis géneros de enterobacterias: *Citrobacter* (24%), *Enterobacter* (10%), *Escherichia* (32%), *Klebsiella* (22%), *Proteus* (2%) y *Salmonella* (10%), además de la detección de cinco individuos portadores de cepas sospechosas de *Salmonella* spp. (11,36%). Los antibiogramas demostraron que todas las cepas aisladas presentaron sensibilidad a cefalosporinas de tercera generación (cefotaxima y ceftazidima), mientras que solo las cepas sospechosas de *Proteus* spp. y *Salmonella* spp. resultaron sensibles a todos los antibióticos evaluados. Los autores concluyen que, en caso de salmonelosis

asociada al contacto con *C. denticulata*, los antibióticos utilizados resultan efectivos, y para infecciones secundarias por otras enterobacterias, se recomienda el uso de cefalosporinas de tercera generación como primera opción terapéutica. Este antecedente es **relevante** para el presente estudio pues proporciona información actual sobre el perfil de resistencia antimicrobiana en enterobacterias presentes en reptiles silvestres mantenidos en cautiverio, contribuyendo a la vigilancia epidemiológica y la selección de tratamientos efectivos ante infecciones zoonóticas.

En Lima, en 2021, Zatán et al. desarrollaron un estudio titulado “*Caracterización de la microbiota intestinal en robalo (Centropomus sp) y aislamiento de bacterias probióticas potenciales*”⁽¹³⁾. La **metodología** trató de un estudio descriptivo orientado a caracterizar la microbiota intestinal del robalo, procedente tanto de ambientes naturales como de cautiverio, y a aislar e identificar bacterias con potencial probiótico. Para la metodología, se analizó la composición microbiana mediante metagenómica dirigida al gen 16S ARN ribosomal, lo que permitió determinar la diversidad y abundancia bacteriana en el tracto intestinal. Además, se cultivaron muestras de mucus intestinal en medio selectivo MRS para el aislamiento bacteriano, y la identificación molecular se realizó mediante secuenciación del gen 16S ARN ribosomal. Posteriormente, las cepas aisladas fueron evaluadas mediante ensayos de actividad proteolítica y antagonismo frente a patógenos relevantes en acuicultura, como *Plesiomonas shigelloides*, *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas veronii* y *Vibrio harveyi*. Los principales **resultados** muestran que los géneros predominantes en la microbiota intestinal fueron *Clostridium*, *Photobacterium*, *Cetobacterium* y *Rubritepida*. En el aislamiento con agar MRS destacaron *Klebsiella sp.*, dos cepas de *Weissella cibaria* y *Lactococcus sp.* Entre ellas, las cepas de *W. cibaria* demostraron un amplio espectro de antagonismo contra los patógenos evaluados y presentaron actividad proteolítica positiva, sugiriendo su potencial uso como probióticos en la acuicultura del robalo. Este antecedente es **relevante** para la presente investigación, ya que

proporciona una referencia metodológica para el análisis de microbiota intestinal y aislamiento de bacterias benéficas, lo que puede ser útil en estudios similares de caracterización microbiana y selección de probióticos en otras especies acuáticas.

2.1.3. ANTECEDENTES LOCALES

A la fecha no se registraron investigaciones de metagenómica en canes; ni mucho menos temas asociados a lo que se desea investigar.

2.2. BASES TEÓRICAS

2.2.1. MICROBIOMA ORAL DEL PERRO

Determinar la composición bacteriana del microbioma oral canino es de interés por dos razones principales. En primer lugar, mientras que el microbioma oral humano se ha estudiado bien mediante técnicas moleculares, los microbiomas orales de otros mamíferos no se han estudiado con la misma profundidad mediante métodos independientes del cultivo. Este estudio permite una comparación del número de taxones bacterianos, basado en la comparación de la secuencia del gen 16S rRNA, compartido entre humanos y perros, dos especies de mamíferos divergentes. En segundo lugar, las bacterias orales caninas son de interés para las comunidades médicas veterinarias y humanas para comprender sus funciones en la salud y las enfermedades infecciosas. La mayoría de las bacterias involucradas no tienen nombre y no están unidas por la identidad de secuencia del gen 16S rRNA a un esquema taxonómico. Las pocas investigaciones obtuvieron secuencias de referencia de ARNr 16S de longitud completa para 353 taxones bacterianos caninos, que se colocaron en 14 filos bacterianos, 23 clases, 37 órdenes, 66 familias y 148 géneros. Actualmente, el ochenta por ciento de los taxones no tienen nombre. Los taxones bacterianos identificados en perros son marcadamente diferentes de los de los humanos, con solo el 16,4 % de los taxones orales compartidos entre perros y humanos según un límite de similitud de secuencia de 16S rRNA del 98,5 %. Esto indica que existe una gran divergencia en las bacterias

que componen los microbiomas orales de especies de mamíferos divergentes. ⁽¹²⁾

2.2.2. ANÁLISIS DE SECUENCIA METAGENÓMICO

Un metagenóma es la mezcla de todos los genomas presentes en una población de organismos. Los científicos han demostrado, a través de esfuerzos como la global ocean Sampling Expedition, que es posible indicios sobre poblaciones bacterianas (incluidos organismos no cultivados) secuenciando y analizando metagenómas de modo muy parecido a como se hace con los genomas de organismos individuales.

El protocolo general para la secuenciación metagenómica es similar al de la secuenciación de nueva generación de genes 16S, excepto que se preparan Fragmentos al azar de DNA en vez de secuencias blanco del gen 16S. ⁽¹⁵⁾

2.2.3. GEN ARNR 16S

El ADN ribosómico (ADNr) es una secuencia de ADN que codifica para el ARN ribosómico. Los ribosomas son conjuntos de proteínas y moléculas de ARNr que traducen las moléculas de ARNm para producir proteínas. El ADNr de los eucariotas consiste en una repetición en tándem de clusters, compuestos individualmente por NTS, ETS, 18S, ITS1, 5.8S, ITS2, y 28S. En las bacterias, arqueas y los cloroplastos, el ADNr se compone de diferentes unidades (23S, 16S y 5S). El ARNr 16S se utiliza ampliamente para estudios filogenéticos.

El ADNr es altamente conservado, presentando regiones comunes a todos los organismos, pero contienen además variaciones que se concentran en zonas específicas. Se trata de secuencias específicas cortas que aparecen en un determinado grupo filogenético, y raramente están presentes en otros grupos, incluidos los más próximos. Por ello, iniciadores (primers) pueden utilizarse para amplificar de manera más o menos específica el ADNr 16S, ya sea globalmente de todas las

bacterias presentes en una muestra, por ejemplo, de la microbiota o exclusivamente de un grupo de bacterias. ⁽¹⁶⁾

2.2.4. SECUENCIACIÓN CLÍNICA METAGENÓMICA

Casi todos los agentes infecciosos contienen genomas de ADN o ARN, lo que hace que la secuenciación sea un método atractivo para la detección de patógenos. El costo de la secuenciación de alto rendimiento o de próxima generación se ha reducido en varios órdenes de magnitud desde su llegada en 2004, y ha surgido como una plataforma tecnológica habilitante para la detección y caracterización taxonómica de microorganismos en muestras clínicas de pacientes. Esta revisión se centra en la aplicación de la secuenciación metagenómica de próxima generación no dirigida al diagnóstico clínico de enfermedades infecciosas, particularmente en áreas en las que los enfoques diagnósticos convencionales tienen limitaciones. La revisión cubre (a) tecnologías de secuenciación de próxima generación y plataformas comunes, (b) flujos de trabajo de ensayos de secuenciación de próxima generación en el laboratorio de microbiología clínica, (c) análisis bioinformático de datos de secuenciación metagenómica de próxima generación, (d) validación y uso de secuenciación metagenómica de próxima generación para el diagnóstico de enfermedades infecciosas, y (e) informes y estudios de casos importantes en esta área. La secuenciación de próxima generación es una nueva tecnología que promete mejorar nuestra capacidad para diagnosticar, interrogar y rastrear enfermedades infecciosas. ⁽¹⁷⁾

2.2.5. ANÁLISIS TAXONÓMICO

Las poblaciones bacterianas se caracterizan de forma rutinaria basándose en exámenes microscópicos, formación de colonias y pruebas bioquímicas. Sin embargo, en el pasado reciente, la identificación, clasificación y nomenclatura bacterianas han estado fuertemente influenciadas por la información de la secuencia del genoma. Los avances en bioinformática y el crecimiento de las bases de

datos del genoma han puesto el análisis de metadatos basado en el genoma en manos de investigadores que requerirán experiencia taxonómica para resolver las complejidades. Para lograr esto, ahora hay diferentes herramientas disponibles para medir cuantitativamente la relación del genoma dentro de miembros de la misma especie, y la identidad de nucleótidos promedio en todo el genoma (gANI) es una herramienta confiable para medir la similitud del genoma. Un ensamblaje del genoma con una puntuación de gANI de <95% en el nivel intraespecie generalmente se considera indicativo de una especie separada. En este estudio, hemos analizado 300 secuencias de genoma completo pertenecientes a 26 especies bacterianas diferentes disponibles en la base de datos NCBI Genome y calculamos su similitud a nivel intraespecie basado en la puntuación de gANI. ⁽¹⁸⁾

2.2.6. ÍNDICE DE SHANNON

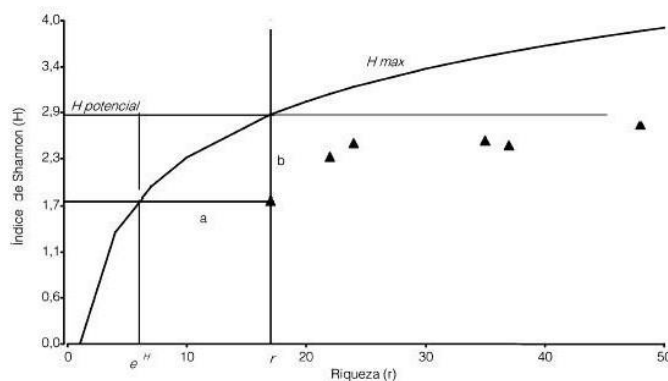
Uno de los índices más utilizados para cuantificar la biodiversidad específica es el de Shannon, también conocido como Shannon-Weaver (Shannon y Weaver, 1949), derivado de la teoría de información como una medida de la entropía. El índice refleja la heterogeneidad de una comunidad sobre la base de dos factores: el número de especies presentes y su abundancia relativa. Conceptualmente es una medida del grado de incertidumbre asociada a la selección aleatoria de un individuo en la comunidad. Esto es, si una comunidad de S especies es muy homogénea, por ejemplo porque existe una especie claramente dominante y las restantes $S-1$ especies apenas presentes, el grado de incertidumbre será más bajo que si todas las S especies fueran igualmente abundantes. O sea, al tomar al azar un individuo, en el primer caso tendremos un grado de certeza mayor (menos incertidumbre, producto de una menor entropía) que en el segundo; porque mientras en el primer caso la probabilidad de que pertenezca a la especie dominante será cercana a 1, mayor que para cualquier otra especie, en el segundo la probabilidad será la misma para cualquier especie.

El índice de Shannon (Shannon y Weaver, 1949) se define como:

$$H = - \sum_{i=1}^S \pi_i \ln \pi_i$$

La diversidad máxima ($H_{\max} = \ln S$) se alcanza cuando todas las especies están igualmente presentes. Un índice de homogeneidad asociado a esta medida de diversidad puede calcularse como el cociente $H/H_{\max} = H/\ln S$, que será uno si todas las especies que componen la comunidad tienen igual probabilidad ($\pi_i = 1/S$).

El antilogaritmo de H (e^H) cuantifica el número de especies, igualmente abundantes, suficiente para producir el mismo grado de incertidumbre, o sea el mismo valor de H . Cuanto mayor sea la diferencia entre e^H y S , el total de especies, menos diversa será la comunidad. Esta cuantificación puede ser útil al comparar gráficos de dispersión del índice de Shannon en función de la riqueza en varias comunidades. Con datos muestrales, $H_{\max} = \ln(r)$ indica qué índice de diversidad de Shannon podría haberse alcanzado con las especies presentes, mientras $S H = e^H$ indica cuántas especies equiabundantes serían necesarias para obtener ese índice observado. Diferencias promedio entre estos valores potenciales y los observados pueden contribuir a la comparación entre comunidades.



Índice de Shannon en función de la riqueza. $a: r - e^H$, diferencia entre riqueza observada y efiabundante; $b: H_{\max} - H$, diferencia entre diversidad potencial y observada.

2.2.7. EXTRACCIÓN DE ADN A PARTIR DE SALIVA

Cuándo se trata de material genómico el ADN obtenido a partir de saliva debe rendir en la misma medida que lo hace el obtenido a partir de muestras de sangre, ¿dónde está la diferencia? en las enzimas y o bacterias naturalmente presentes en la saliva que pueden alterar ese material genético; para evitar este problema existen en kik específicos de saliva que incluyen preservantes para mantener intacta la integridad del ADN. Existen diversos estudios que demuestran que el ADN extraído a partir de saliva arroja resultados equivalentes al obtenido en muestras de sangre en técnicas como PCR.

Funcionabilidad: Obtener una muestra de sangre puede resultar tremendamente estresante y doloroso para el paciente y especialmente complicado en el caso de niños, ancianos o pacientes psiquiátricos una vez obtenida la muestra surge otro hándicap en el transporte y almacenamiento; se necesita realizar los envíos con el hielo seco y a temperatura controlada, almacenar los refrigerados y congelarlos.

Por el contrario, la utilización de muestra de saliva para la extracción del ADN nos permite:

- Simple recogía de las muestras y fácil manejo
- No invasivo e indoloro para el paciente
- No genera ansiedad en los pacientes facilitando el reclutamiento
- La muestra es estable a temperatura ambiente lo que Permite el transporte por correo ordinario, así como el almacenamiento sin necesidad de refrigeración congelación esto cobra especial relevancia en el caso por ejemplo estudios multicéntricos.
- La reducción de costos al utilizar saliva queda demostrada en diversos estudios e impacta a o distintos niveles:
- Recogida de la muestra no es necesario que el paciente se traslada al centro médico para la recogida se evitan además Los costos asociados al personal especializado para ir a la muestra

- Envío de la muestra el envío se realiza a temperatura ambiente evitando los cargos por envío en el hielo seco y reduciendo el tamaño del paquete
- Almacenamiento de la muestra es estable a temperatura ambiente evitando costes asociados a la congelación y la refrigeración. ⁽¹⁹⁾

2.2.8. ALIMENTO BALANCEADO

El alimento seco comercial (CDF) para perros fue patentado por primera vez en 1860 por James Spratt, pero no fue hasta 1957 que comenzó a venderse comercialmente. La diversidad en la fórmula CDF aumenta debido al aumento en el conocimiento de las necesidades nutricionales de los perros en función de sus razas, edades y actividades realizadas. Otro aspecto que impulsa el suministro de CDF es la creciente disponibilidad de ingredientes agroindustriales de diversa composición bromatológica, lo que orienta la diversificación de fórmulas de alimentación adecuadas para perros con diferentes necesidades digestivas, perfiles de nutrientes y metabolismo. Otro aspecto que impulsa la demanda de CDF es la integración del perro en el estilo de vida urbano, así como el fortalecimiento del vínculo humano-mascota en el que los dueños de perros dan igual prioridad a la dieta saludable de sus mascotas como a la suya propia. ⁽²⁰⁾

La oferta de CDF incluye derivados secos de todo tipo de carnes y tripas de pollo, res, cerdo y otras especies; La carne de codorniz, faisán y avestruz incluso se incorpora en la elaboración de estos alimentos ⁽²¹⁾.

El alimento seco comercial también agrega varios cereales, como maíz, arroz, trigo, cebada y sorgo debido a su bajo costo y valor nutricional aceptable; además de esto, no afecta la palatabilidad y digestibilidad de los nutrientes, aunque la calidad e inocuidad de los cereales a veces es objetable ⁽²²⁾. Estos ingredientes son ampliamente utilizados como fuente de energía, así como un aporte de algunas vitaminas, minerales, fibras y grasas. Además, se incorporan

ingredientes proteicos de soja y pasta de soja, así como algunos ingredientes ricos en fibra como la alfalfa y la avena.

La tecnología de hacer comida seca para mascotas cambió en la década de 1950, cuando Ralston Purina desarrolló un método para hacer comida seca para mascotas usando un proceso de extrusión. Este método permitió que el alimento seco para mascotas consistiera en croquetas más livianas, más grandes y uniformes, y eventualmente este método reemplazó al método más antiguo de hacer alimentos secos para mascotas.

2.2.9. DIETA EN MASCOTAS

El impacto de la dieta en la salud es irrefutable, tanto para los humanos como para nuestras especies de animales de compañía. El interés y la demanda de alimentos saludables, de origen local, frescos o menos procesados para el consumo humano se han reflejado en la industria de las mascotas, con una explosión de dietas disponibles etiquetadas como naturales, frescas o sin cereales. Muchos propietarios y profesionales de perros creen que varias metodologías de alimentación no tradicionales, que incluyen ingredientes crudos, caseros y de origen natural, son superiores a los alimentos para perros comerciales extruidos tradicionales. Una tendencia actual entre los dueños de mascotas que abogan por dietas más naturales es el uso de alimentos crudos o mínimamente procesados ⁽²³⁾. Informes anecdóticos de los beneficios para la salud de las dietas basadas en carne cruda (RMBD) incluyen dientes más limpios, disminución de la producción de heces, mejora de la piel y el pelaje, mejora de la inmunidad y disminución de las enfermedades relacionadas con la inflamación ⁽²³⁾. Sin embargo, hay poca o ninguna evidencia en la literatura científica que respalde las afirmaciones de mejores resultados clínicos en perros alimentados con RMBD, y lo que se ha informado solo siguió a perros para un ensayo de alimentación a corto plazo, estuvo limitado por tamaños de muestra pequeños o fracasó. para informar los resultados clínicos ⁽²⁴⁾.

Alimentar con carne cruda no está exento de riesgos. Múltiples estudios han informado la presencia de bacterias patógenas en RMBD y en las heces, y los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades y la Administración de Alimentos y Medicamentos recomiendan no alimentar a las mascotas con dietas crudas debido al riesgo de exponer a los dueños a bacterias entéricas que causan enfermedades o parásitos en los productos alimenticios crudos ⁽²⁵⁾. Los propietarios también pueden crear, sin darse cuenta, deficiencias o excesos nutricionales en sus mascotas debido a dietas mal formuladas ⁽²⁶⁾. Debido a los riesgos potenciales para la salud humana y canina, es importante identificar si existen beneficios que justifiquen estas prácticas de alimentación.

El tipo, la duración y la temperatura de procesamiento de los alimentos pueden afectar la composición y digestibilidad de los nutrientes, y las dietas crudas generalmente se asocian con una mayor digestibilidad que las croquetas secas ⁽²³⁾. La carne procesada reduce la calidad de la proteína y la disponibilidad de aminoácidos en comparación con las harinas de carne cruda ⁽²⁷⁾. El procesamiento también puede dar lugar a transformaciones químicas, como la producción de productos finales de glicación avanzada (AGE).

Varios informes han demostrado que múltiples métodos y condiciones utilizados en la producción de alimentos comerciales para perros dan como resultado la creación de AGE ⁽²³⁾. Los AGE, a través de la interacción con el receptor de AGE, activan vías de señalización que aumentan la producción de especies reactivas de oxígeno y mantienen la activación de señales proinflamatorias, como el factor nuclear kappa-potenciador de cadena ligera de células B activadas ⁽²⁸⁾. Cada vez hay más pruebas de que los AGE contribuyen al desarrollo de varias enfermedades crónicas importantes y asociadas con la edad en humanos y perros, como diabetes, enfermedades cardíacas, cáncer y neurodegeneración ⁽²³⁾. En conjunto, el aumento de la biodisponibilidad de los nutrientes y la reducción de la inflamación de bajo grado podrían

explicar los resultados anecdóticos de mejora de la salud y reducción de los estados de enfermedad informados por los propietarios.

Además, investigaciones previas han demostrado que la composición de nutrientes de una dieta es un fuerte impulsor de las diferencias en las poblaciones microbianas del tracto intestinal (es decir, la microbiota intestinal), lo que tiene un impacto sustancial en la salud general. Las dietas RMBD difieren sustancialmente en la composición general de macronutrientes, con un RMBD típico que consiste principalmente en proteínas y grasas, mientras que la adición de productos vegetales en las croquetas comerciales da como resultado del 30 % al 40 % de carbohidratos simples y del 3 % al 5 % de fibra cruda. Por lo tanto, los ingredientes de origen natural o los alimentos crudos teóricamente podrían tener diferentes resultados en la salud de los perros debido a los cambios en los nutrientes absorbidos o al modificar la microbiota intestinal que, a su vez, alteraría los marcadores clínicos de salud. Presumimos que los perros sanos alimentados con RMBD mostrarían mejores marcadores de salud general, incluido un beneficio clínico modesto (como mejores puntajes de salud dental, auditiva y de la piel) en comparación con los perros alimentados con una dieta de croquetas. ⁽²³⁾

2.3. BASES FILOSÓFICAS

El presente estudio se fundamenta en sólidos principios filosóficos, los cuales orientan su diseño, metodología y análisis, garantizando la validez y relevancia de sus resultados dentro del campo científico.

- **Ontología**

La ontología de esta investigación asume que el microbioma oral canino es una realidad objetiva y existente independientemente de la percepción, compuesta por comunidades microbianas que pueden observarse, caracterizarse y comparar en función de variables como la dieta. Así, se reconoce la existencia real y cuantificable de las poblaciones bacterianas en el entorno oral de los perros.

- **Epistemología**

Desde el enfoque epistemológico, esta investigación se ubica en el paradigma positivista, donde el conocimiento se adquiere a través de la observación empírica, la recolección sistemática de datos y el análisis objetivo. El estudio emplea técnicas cuantitativas, como la secuenciación de 16S rRNA y análisis estadísticos, para establecer diferencias verificables entre los grupos estudiados, asumiendo que la realidad es accesible y medible por métodos científicos rigurosos.

- **Axiología**

En cuanto al plano axiológico, este estudio reconoce el valor científico y social de la generación de conocimiento sobre la salud oral y nutrición de los caninos. Sus procedimientos se rigen por la ética científica, priorizando el bienestar animal y el consentimiento informado de los propietarios de las mascotas. Además, el conocimiento obtenido podrá contribuir a la práctica clínica veterinaria y a políticas de bienestar animal.

- **Enfoque metodológico**

El diseño cuantitativo y comparativo del presente trabajo se basa en la objetividad y replicabilidad de los datos, lo que permite extraer conclusiones sólidas y transferibles a contextos similares. La comparación de dos tipos de dieta en función del microbioma oral permite identificar relaciones causales y patrones fundamentados.

2.4. DEFINICIONES CONCEPTUALES

Microbiota cavidad oral del perro: compuesta por diversas comunidades microbianas cuya composición depende de múltiples factores, incluyendo la edad, la alimentación, las variaciones ambientales, el estado inmunológico, así como la salud dental y gingival, y en general, del estado de salud del huésped. En una cavidad oral sana, predominan principalmente bacterias anaerobias facultativas. Sin embargo, en perros con enfermedad periodontal, la microbiota subgingival se caracteriza por un predominio de

bacterias anaerobias estrictas. Entre las especies bacterianas más comunes en la cavidad oral saludable se encuentran *Pasteurella multocida*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.*, así como miembros de enterobacterias como *Proteus spp.*, y otras especies como *Corynebacterium spp.*, *Eikenella corrodens*, *Clostridium spp.*, *Peptostreptococcus spp.* y *Propionibacterium spp.* ⁽²⁹⁾.

Metagenómica: es una herramienta molecular avanzada que permite el análisis simultáneo del material genético de comunidades microbianas completas, incluyendo microorganismos cultivables y no cultivables. Estudios metagenómicos realizados en el tracto intestinal porcino han revelado un microbioma con capacidad para degradar lignocelulosa, en el cual predominan los filos *Firmicutes* y *Bacteroidetes* en las muestras fecales, evidenciando la importancia funcional de estas comunidades en el metabolismo del hospedero ⁽³⁰⁾.

Nutrición: La nutrición es el proceso biológico mediante el cual los organismos asimilan y utilizan los alimentos y líquidos necesarios para satisfacer sus necesidades dietéticas, garantizando el funcionamiento, crecimiento y mantenimiento de sus funciones vitales. Una nutrición adecuada, caracterizada por una dieta equilibrada y suficiente combinada con actividad física regular, es un pilar fundamental para la salud óptima. Por el contrario, una nutrición deficiente puede disminuir la inmunidad, aumentar la susceptibilidad a enfermedades, afectar negativamente el desarrollo físico y mental, y reducir la productividad general. La nutrición también representa una ciencia que estudia los procesos fisiológicos y metabólicos relacionados con la absorción, transformación y utilización de nutrientes, así como su impacto en la prevención y el tratamiento de patologías asociadas. ⁽³¹⁾.

Análisis molecular del microbioma: consiste en el estudio detallado de la composición, estructura y función de las comunidades microbianas mediante técnicas avanzadas de biología molecular, como la secuenciación masiva de ADN y métodos genómicos. Este análisis permite identificar y caracterizar tanto microorganismos cultivables como no cultivables, proporcionando información sobre la diversidad microbiana y sus funciones

dentro de un hábitat específico, así como su interacción con el huésped. Además, estas herramientas revelan la dinámica y variabilidad del microbioma en diferentes individuos y condiciones, facilitando la comprensión de su rol en la salud y la enfermedad ⁽³⁶⁾.

Secuenciación de nueva generación (NGS): es un conjunto de tecnologías avanzadas diseñadas para secuenciar millones de fragmentos de ADN de manera simultánea y masiva, lo que permite obtener grandes volúmenes de datos genómicos en un tiempo reducido y a menor costo por base en comparación con métodos tradicionales como la secuenciación Sanger. Estas técnicas emplean procesos paralelos de amplificación y secuenciación que facilitan la lectura rápida y precisa del orden de nucleótidos en el ADN, posibilitando la detección de variantes genéticas, incluyendo mutaciones puntuales, inserciones, deleciones y rearrreglos estructurales. ⁽⁵³⁾

2.5. SISTEMA DE HIPÓTESIS

2.5.1. HIPÓTESIS GENERAL

Ha: Influye el tipo de dieta (Casero o Balanceado) en la biodiversidad del Microbioma oral canino, Huánuco 2023

H0: No Influye el tipo de dieta (Casero o Balanceado) en la biodiversidad del Microbioma oral canino, Huánuco 2023

2.6. VARIABLES

2.6.1. VARIABLE INDEPENDIENTE

Tipo de dieta.

2.6.2. VARIABLE DEPENDIENTE

Diversidad del Microbioma oral (Índices de Shannon, Simpson, Abundancia relativa)

2.7. OPERACIONALIZACION DE VARIABLES

“Análisis comparativo del microbioma oral canino en mascotas alimentadas con dos tipos de dieta. Huánuco, 2023”.

Variables	Definición Conceptual	Definición Operacional	Dimensiones	Indicadores	Escala	Tipo De Variable	Instrumento
Variable Independiente: Tipo de dieta	Se refiere al conjunto de alimentos sólidos y líquidos que consume un individuo de manera habitual, considerando la variedad, cantidad y frecuencia de dichos alimentos.	Dieta comercial procesada: Mascotas alimentadas exclusivamente con croquetas o alimentos manufacturados para perros. Dieta natural o casera: Mascotas alimentadas con preparados caseros o alimentos frescos, naturales y no procesados, que pueden incluir carne, vegetales y otros ingredientes aptos para consumo animal.	Alimento casero Alimento balanceado	Frecuencia de alimentación	Nominal	Categórica	Encuesta al propietario
Variable dependiente Diversidad del Microbioma oral canino	La diversidad del microbioma oral canino se refiere a la variedad y abundancia relativa de microorganismos presentes en la cavidad bucal de los perros. Esta comunidad microbiana está compuesta principalmente por	En el contexto de un estudio científico, la diversidad del microbioma oral canino se mide mediante índices ecológicos, como el índice de Shannon o Simpson. Para ello, se recopilan muestras de la cavidad oral de los perros y se analizan utilizando tecnologías de secuenciación de nueva generación (NGS). Los	Riqueza y Equitatividad	Índice de Shannon Índice de Simpson Diversidad Beta	Numérica	Continua	Secuenciación NGS, Análisis bioinformático

bacterias, hongos,
virus y arqueas.

resultados obtenidos permiten
calcular dos aspectos
principales:

Riqueza: número total de
especies detectadas en la
muestra.

Equitatividad: uniformidad en la
distribución de las diferentes
especies identificadas.

CAPITULO III

MARCO METODOLOGICO

3.1. TIPO DE INVESTIGACIÓN

El presente estudio fue de enfoque cuantitativo, con un diseño transversal, analítico-comparativo. Según su naturaleza metodológica, se clasificó como un estudio no experimental, ya que no implicó intervención directa sobre las variables. De acuerdo con la planificación de la recolección de datos, se trató de un estudio prospectivo. Asimismo, en función del número de mediciones realizadas sobre la variable de interés, se definió como un diseño transversal. Finalmente, considerando el análisis de múltiples variables y sus relaciones, el estudio se caracterizó como analítico-relacional. ⁽³²⁾

3.1.1. ENFOQUE

La investigación tuvo un enfoque cuantitativo, ya que los datos a tabular fueron estrictamente numéricos y se hizo uso de la estadística inferencial, descriptiva y multivariada. ⁽³²⁾.

3.1.2. ALCANCE O NIVEL

El nivel de investigación fue relacional, dado que identifiqué y analicé la relación entre el tipo de alimentación (comida casera vs. comida balanceada) y la composición de la microbiota oral en perros, mediante análisis estadísticos bivariados. Las hipótesis formuladas son de carácter empírico, sustentadas en observaciones previas y en la revisión bibliográfica, y se contrastan mediante datos cuantitativos obtenidos en el estudio. ⁽³²⁾.

3.1.3. DISEÑO

El estudio tuvo un diseño descriptivo correlacional donde:



M= Hisopado bucal y 0.5 ml de saliva

Oy= Tipo de alimentación

r= indica la posible relación entre las variables estudiadas

Oz= Determinación molecular de microbiota

3.2. POBLACIÓN Y MUESTRA

3.2.1. POBLACIÓN

La población estuvo constituida por los canes que fueron atendidos en la clínica 4 patas de la ciudad de Huánuco ellos fueron sometidos a un hisopado bucal para determinar el microbioma presente, a la vez se realizaron análisis hematológicos y se aplicó un consentimiento informado al dueño.

➤ Criterios de elegibilidad:

• Criterios de inclusión:

Perros de todas las razas; en buena condición corporal y libres de patologías preexistentes pudiendo ser macho o hembra en edad adulta, es decir mayores a 11 meses de edad hasta los 60 meses; y perros de dueños que aceptaron firmar el consentimiento informado.

- Criterios de anulación

Perros que en la última semana fueron medicados con antibioticoterapia o hayan recibido tratamiento y que manifiesten enfermedades bucales o periodontales graves.

3.2.2. MUESTRA

La investigación tuvo un muestreo no probabilístico donde la elección de los elementos no depende de la probabilidad sino de las causas relacionadas con las características de la investigación o de quien hace la muestra. ⁽³³⁾

La muestra será no probabilística del tipo discrecional donde se seleccionó 60 perros de los cuales se consideró 30 de ellos que se alimentan con comida casera y los otros 30 con alimento comercial.

3.3. TÉCNICAS E INSTRUMENTOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS

La técnica que se empleó para la elección de los canes fue:

➤ **Técnica: La entrevista y análisis documental**

La *entrevista* es una técnica de recolección de datos ampliamente utilizada en diversos campos, incluyendo la investigación científica, la psicología, la sociología y la salud. Consiste en una conversación estructurada o semiestructurada entre el entrevistador y el entrevistado, con el objetivo de obtener información detallada y en profundidad sobre un tema específico y el análisis documental ⁽³²⁾. El *análisis documental* en investigación de salud es una metodología que consiste en examinar y analizar documentos relevantes para obtener información y evidencia sobre un tema específico en el campo de la salud. Esta técnica se utiliza para recopilar datos y obtener una comprensión más profunda de un problema o fenómeno de interés en la investigación de salud. El análisis documental implica revisar y analizar documentos como artículos científicos, informes, registros médicos, políticas de salud, entre otros ⁽³⁴⁾

➤ **Instrumento: Ficha clínica.**

Una ficha clínica en salud es un documento privado que contiene información médica relevante sobre un paciente y su historial clínico. Esta ficha es elaborada y custodiada por el médico o la institución de salud responsable del cuidado del paciente. La disponibilidad de la ficha clínica está condicionada por la legislación y se restringe a personas directamente relacionadas con la atención de salud del paciente, como el titular de la ficha, su representante legal o sus herederos. La ficha clínica cumple diversas funciones en el ámbito de la salud ⁽³⁵⁾.

3.4. TÉCNICAS PARA EL PROCESAMIENTO Y ANÁLISIS DE INFORMACIÓN

Para procesar la información de los objetivos se tuvo que cumplir el siguiente flujograma:

Las muestras fueron analizadas en INBIOMEDIC que es el primer centro de Medicina Predictiva y Personalizada certificado por el Ministerio de Salud para realizar pruebas diagnósticas (486-2017-USBS-DSSDISA.II.LS/MINSA), y por el CONCYTEC en Investigación Científica y Desarrollo Tecnológico en Biología Molecular (RSD N° 153-2018-CONCYTEC/SDCTT), así como en Genética y Herencia (RSD N° 216-2018-CONCYTEC/SDCTT). El protocolo a usar será el siguiente:

- a) Colección de muestras de Hisopado bucal canino
- b) Manejo de muestras y extracción de ADN
- c) Cuantificación de ADN y evaluación de calidad
- d) Amplificación de ADN y secuenciamiento utilizando NGS
- e) Recorte y mapeo de lecturas de secuenciación.
- f) Análisis filogenético OTUs y funcionalidad
- g) Evaluar índices de Biodiversidad
- h) Evaluar índices de riqueza

El procesamiento y la evaluación de los datos obtenidos se llevaron a cabo utilizando el lenguaje de programación R, que incluyó los paquetes

vegan y BiodiversityR. Estos resultados fueron corroborados con el software Past 4.09. Para la presentación de los datos, se utilizó apoyo de la estadística descriptiva e inferencial, dado que se trató de un estudio analítico bivariado que requirió la prueba de hipótesis mediante un análisis estadístico. Todo esto constituye una herramienta importante en la labor de investigación.

CAPITULO IV

RESULTADOS

4.1. RESULTADOS DESCRIPTIVOS

Tabla 1. Edad y Sexo de Pacientes considerados dentro de la Investigación

TIPO DE ALIMENTO	EDAD (años)					TOTAL
	1	2	3	4	5	
Balanceado	1	7	6	15	1	30
H		6	3	3		12
HE			1	1	1	3
M	1	1	2	11		15
Casero	1	16	7	6		30
H	1	5	3	1		10
HE		1	1			2
M		10	2	5		17
MC			1			1
Total	2	23	13	21	1	60

En la tabla 1 se describe el sexo de las mascotas donde H=Hembra; HE=Hembra esterilizada; M=Macho; MC=Macho castrado. Del mismo modo se visualiza la edad, la gran mayoría de mascotas que fueron parte de esta investigación tuvo una edad entre 1 y 5 años respectivamente. La investigación estuvo conformada por 30 perros alimentados con comida casera y 30 con comida balanceada.

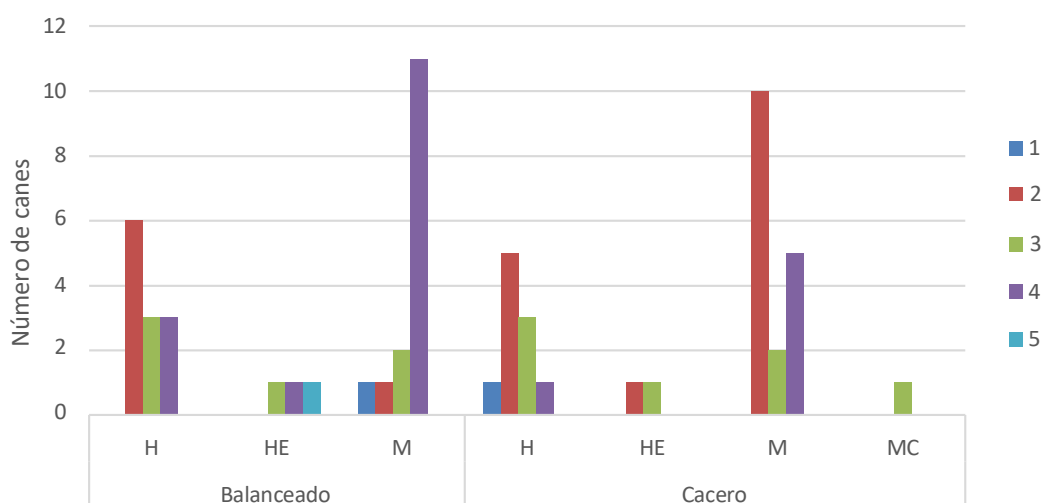


Figura 1. Edad y Sexo de los canes evaluados. (H=Hembra; HE=Hembra esterilizada; M=Macho; MC=Macho castrado)

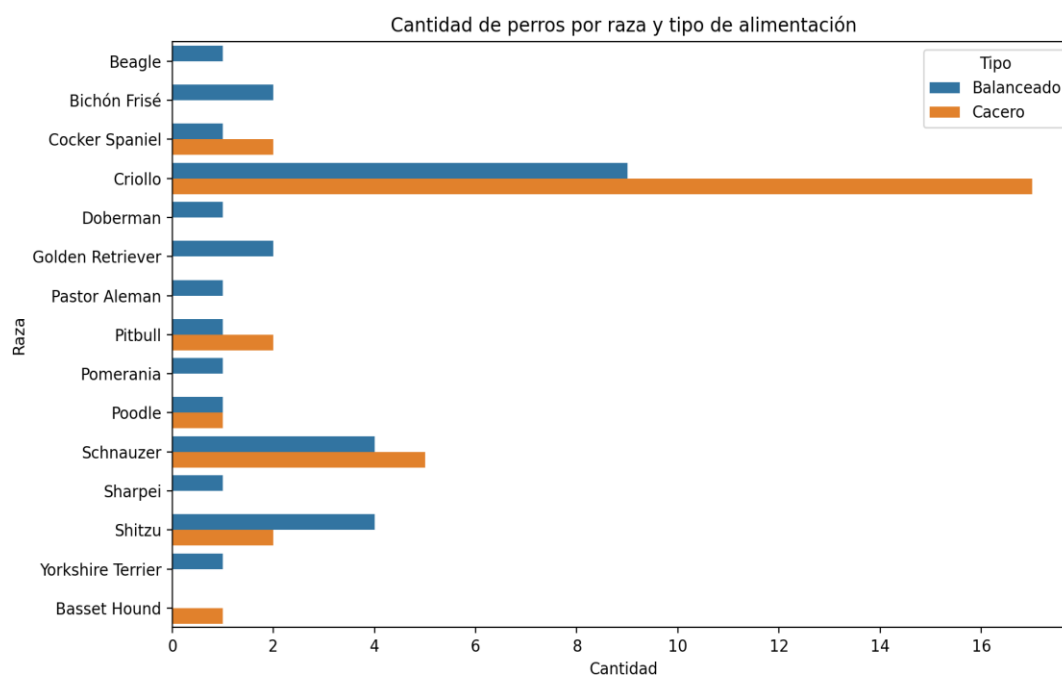


Figura 2. Representación de las razas de perros en la población del estudio (n=60), lo que indica un predominio de perros mestizos («criollos») en la evaluación de la microbiota oral

En el gráfico de barras se presentan las razas de perros que participaron en este estudio, destacando que 7 razas consumían alimento casero, mientras que 14 razas se alimentaban con alimento balanceado de diversas marcas comerciales en la ciudad de Huánuco. Se observa que el mayor número de mascotas incluidas en el estudio correspondió a perros criollos, dado que esta raza es la más común en la clínica veterinaria donde se llevó a cabo el examen clínico de los pacientes.

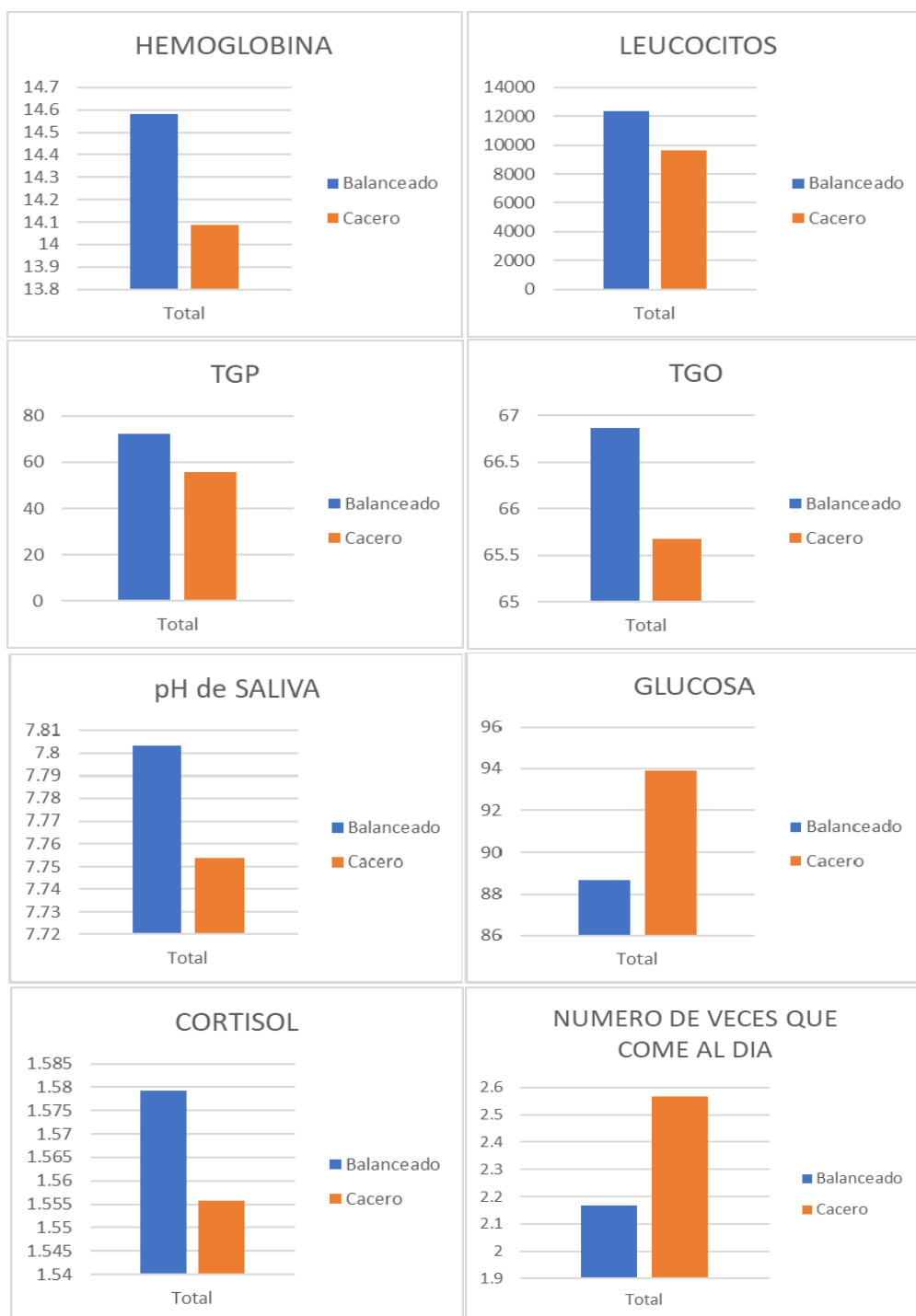


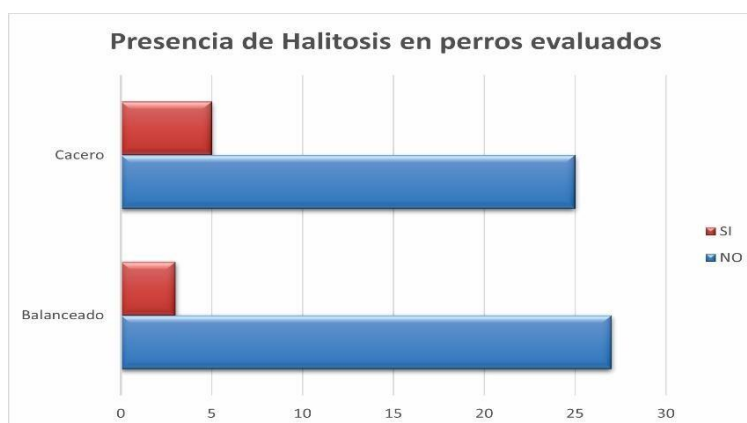
Figura 3. Datos clínicos de 30 perros alimentados con comida casera y alimento balanceado

En el gráfico de barras se presentan los promedios de los resultados de bioquímica sanguínea y hemograma de 60 perros en condiciones normales. Se observa que los perros que siguen una dieta balanceada presentan un ligero aumento en todos sus parámetros de bioquímica sanguínea. Durante la anamnesis, ningún perro mostró síntomas de enfermedad.

Tabla 2. Tipo de alimento, marcas comerciales y composición de dieta casera

Tipo de alimento			
Balanceado	nro.	Casero	nro.
Brit Care	1	Arroz Pollo Y Verduras	1
Brit Care Renal	1	Cacera, Papa Y Camote	1
Cambo	4	Desayuno, Sopas Y Segundo	1
Cambo Cordero	1	Desayuno, Sopas Y Segundo	1
Cambo Morado	1	Pollo Y Arroz	1
Dog Chow	4	Segundo	4
Hills Renal	1	Segundo Solo Cena	1
Nutrican	1	Segundo Y Sopa	5
Proplan	2	Segundos	7
Ricocan	10	Segundos Y Sopa	1
Ricocan Cordero	1	Sopas	3
Ricocan Multisabores	1	Sopas Y Segundos	4
Royal Canin	2		
Total	30	Total	30

En la Tabla 2 se observa que la gran mayoría de los canes que consumen alimento balanceado prefieren la marca peruana Ricocan, la cual lidera el mercado peruano en ventas. Esta marca es seguida por su línea de productos, Premium (Cambo), que también pertenece a la misma empresa. En el caso del alimento casero, la mayoría de los propietarios opta por administrar a sus mascotas alimentos sólidos como segundos, seguidos de segundos y sopas. Es importante destacar que son pocas las personas que acostumbran a ofrecer desayunos a sus mascotas.

**Figura 4.** Halitosis en canes examinados antes del hisopado oral para la extracción de muestra

En el gráfico de barras se observa que ocho perros presentaron halitosis durante la anamnesis, antes de la toma de muestras.

Tabla 3. Abundancia relativa del PHYLUM

N°	<i>Dominio - Phylum</i>	% C	N°	<i>Dominio - Phylum</i>	%B
1	D-Bacteria; P-Bacteroidota	32.4978569	1	D-Bacteria; P-Proteobacteria	40.5091086
2	D-Bacteria; P-Proteobacteria	27.9820991	2	D-Bacteria; P-Bacteroidota	30.0055538
3	D-Bacteria; P-Firmicutes	18.3339732	3	D-Bacteria; P-Firmicutes	12.9325051
4	D-Bacteria; P-Fusobacteriota	8.59574902	4	D-Bacteria; P-Fusobacteriota	7.26985843
5	D-Bacteria; P-Spirochaetota	4.19501104	5	D-Bacteria; P-Actinobacteriota	3.35264283
6	D-Bacteria; P-Actinobacteriota	3.58144478	6	D-Bacteria; P-Patescibacteria	1.86735666
7	D-Bacteria; P-Patescibacteria	2.16030417	7	D-Bacteria; P-Spirochaetota	1.78243167
8	D-Bacteria; P-Campylobacterota	1.4584279	8	D-Bacteria; P-Campylobacterota	1.12189991
9	D-Bacteria; P-Desulfobacterota	0.71359514	9	D-Bacteria; P-Desulfobacterota	0.75259207
10	D-Bacteria; P-Synergistota	0.41305192	10	D-Bacteria; P-Synergistota	0.34536407
11	D-Archaea; P-Halobacterota	0.04763642	11	D-Archaea; P-Thermoplasmatota	0.02633447
12	D-Archaea; P-Euryarchaeota	0.00673454		Others	0.0137925
13	D-Bacteria; P-Myxococcota	0.00483213	12	D-Archaea; P-Euryarchaeota	0.005517
	Others	0.00414726	13	D-Archaea; P-Halobacterota	0.00525954
14	D-Archaea; P-Thermoplasmatota	0.00243509	14	D-Bacteria; P-Bdellovibrionota	0.00408258
15	D-Bacteria; P-Deinococcota	0.0011795	15	D-Bacteria; P-Myxococcota	0.00246426
16	D-Bacteria; P-Chloroflexi	0.00083706	16	D-Bacteria; P-Chloroflexi	0.0016551
17	D-Bacteria; P-Bdellovibrionota	0.00030439	17	D-Bacteria; P-Cyanobacteria	0.00066204
18	D-Bacteria; P-Cyanobacteria	0.00026634	18	D-Bacteria; P-Deinococcota	0.00062526
19	D-Bacteria; P-Acidobacteriota	7.61E-05	19	D-Bacteria; P-Gemmatimonadota	0.00029424
20	D-Bacteria; P-Gemmatimonadota	3.80E-05			

Figura 5. Distribución de los 20 Phylum más abundantes en la microbiota de canes alimentados con dieta casera (C) y balanceada (B). Se presenta un barplot comparando la abundancia relativa de cada Phylum según el tipo de dieta recibida por los animales

En la Tabla 3 y la Figura 6 se presentan los resultados de la secuenciación del ARN 16S para los Phylum y dominios microbianos. En los perros alimentados con comida casera, se identificaron un total de 20 Phylum dentro de los dominios Archaea y Bacteria, destacando los tres más abundantes: Bacteroidota, Proteobacteria y Firmicutes. Por otro lado, en los perros que recibieron alimentación balanceada, se identificaron 19 phylum, siendo los principales también Proteobacteria, Bacteroidota y Firmicutes.

Tabla 4. Abundancia relativa del taxon Clase para canes alimentados con Dieta comercial y Dieta balanceada

N°	Clase	%C	N°	Clase	%B
1	Bacteroidia	31.7776794	1	Gammaproteobacteria	40.5000975
2	Gammaproteobacteria	27.9674885	2	Bacteroidia	29.1386127
3	Clostridia	14.759339	3	Clostridia	10.2636389
4	Fusobacteriia	8.59574902	4	Fusobacteriia	7.26985843
5	Spirochaetia	4.17027967	5	Actinobacteria	3.35076705
6	Actinobacteria	3.58049357	6	Bacilli	2.55525273
7	Bacilli	3.46710975	7	Spirochaetia	1.76783002
8	Gracilibacteria	1.47281014	8	Campylobacteria	1.12189991
9	Campylobacteria	1.4584279	9	Gracilibacteria	0.9752581
10	Kapabacteria	0.72017749	10	Kapabacteria	0.86679393
11	Desulfovibrionia	0.67204644	11	Saccharimonadia	0.82949902
12	Saccharimonadia	0.59142217	12	Desulfovibrionia	0.66921184
13	Synergistia	0.41305192	13	Synergistia	0.34536407
14	Negativicutes	0.1072961	14	Negativicutes	0.1135766
15	Dojkabacteria	0.09496846	15	Dojkabacteria	0.05645728
16	Methanosarcinia	0.04763642	16	Desulfobulbia	0.0424441
17	Desulfuromonadia	0.03759168	17	Desulfuromonadia	0.04093612
18	MVP-15	0.02473137	18	Thermoplasmata	0.02633447
19	Alphaproteobacteria	0.01461053	19	MVP-15	0.01460165
20	Methanobacteria	0.00673454		Others	0.0137925
21	Polyangia	0.00483213	20	Alphaproteobacteria	0.0090111
	Others	0.00414726	21	Methanobacteria	0.005517
22	Desulfobulbia	0.00395702	22	Methanosarcinia	0.00525954
23	Thermoplasmata	0.00243509	23	Microgenomatia	0.00415614
24	Deinococci	0.0011795	24	Bdellovibrionia	0.00408258
25	Microgenomatia	0.0011034	25	Polyangia	0.00246426
26	Anaerolineae	0.00079901	26	Parcubacteria	0.00198612
27	Coriobacteriia	0.00072292	27	Coriobacteriia	0.001839
28	Bdellovibrionia	0.00030439	28	Anaerolineae	0.00139764
29	Cyanobacteriia	0.00026634	29	Cyanobacteriia	0.00066204
30	Syntrophomonadia	0.00022829	30	Deinococci	0.00062526
31	Acidimicrobiia	0.00011415	31	Gemmatimonadetes	0.00029424
32	Thermoleophilia	0.00011415	32	Chloroflexia	0.00025746
33	Blastocatellia	7.61E-05	33	Rhodothermia	0.00014712
34	Chloroflexia	3.80E-05	34	Thermoleophilia	3.68E-05
35	Gemmatimonadetes	3.80E-05	35	unidentified_Firmicutes	3.68E-05

En la Tabla 4 se presentan 35 clases bacterianas identificadas mediante el análisis de secuenciación. Se observan diferencias notables en la distribución de estas clases entre los perros alimentados con comida casera y aquellos que reciben una dieta balanceada. En los perros que consumen comida casera, la clase predominante es Bacteroidia, mientras que en los que son alimentados con comida balanceada, destaca la clase Gammaproteobacteria.

Figura 6. Distribución de las 10 clases taxonómicas más abundantes en la microbiota de canes alimentados con dieta casera (C) y balanceada (B). Se presenta un barplot comparando la abundancia relativa de cada clase según el tipo de dieta recibida por los animales

En el gráfico de barras se destaca que la mayor abundancia en los perros alimentados con comida balanceada está representada por las barras de color azul, correspondientes a la clase Gammaproteobacteria. Por otro lado, en los perros que reciben comida casera, se observa que la barra de color anaranjado, que indica la clase Bacteroidia, es la más prominente. Además, los colores verde y rojo aparecen en ambos grupos, representando las clases Fusobacteriia y Clostridia, las cuales también muestran una abundancia relativa considerable en ambos grupos.

Tabla 5. Abundancia relativa del taxon Orden para canes alimentados con Dieta comercial y Dieta balanceada

N o	Orden	%C	N o	Orden	%B
1	Bacteroidales	28.3725 123	1	Pseudomonadales	29.0628 092
2	Enterobacterales	13.0084 342	2	Bacteroidales	25.0376 443
3	Fusobacteriales	8.59574 902	3	Fusobacteriales	7.26985 843
4	Peptostreptococcales- Tissierellales	8.42141 189	4	Peptostreptococcales- Tissierellales	6.37224 288
5	Burkholderiales	8.30403 3	5	Enterobacterales	5.83341 609
6	Pseudomonadales	6.03978 098	6	Burkholderiales	4.67278 686
7	Spirochaetales	4.17027 967	7	Flavobacteriales	4.05977 483
8	Lachnospirales	3.65601 937	8	Lachnospirales	2.21095 529
9	Flavobacteriales	3.21237 664	9	Actinomycetales	2.10182 907
1 0	Actinomycetales	2.99002 26	1 0	Spirochaetales	1.76783 002
1 1	Campylobacterales	1.45842 79	1 1	Campylobacterales	1.12189 991
1 2	Lactobacillales	1.27781 28	1 2	Lactobacillales	1.11358 763
1 3	Absconditabacteriales_(SR 1)	1.12854 948	1 3	Kapabacteriales	0.86679 393
1 4	Oscillospirales	1.12269 004	1 4	Saccharimonadales	0.82949 902
1 5	Staphylococcales	1.05964 407	1 5	Erysipelotrichales	0.78091 266
1 6	Peptococcales	0.88298 6	1 6	Oscillospirales	0.75961 705
1 7	Kapabacteriales	0.72017 749	1 7	Absconditabacteriales_(SR 1)	0.72982 526
1 8	Desulfovibrionales	0.67204 644	1 8	Desulfovibrionales	0.66921 184
1 9	Saccharimonadales	0.59142 217	1 9	Cardiobacteriales	0.63570 528
2 0	Erysipelotrichales	0.52110 899	2 0	Peptococcales	0.60028 615
2 1	Christensenellales	0.49477 959	2 1	Micrococcales	0.41759 996
2 2	Synergistales	0.41305 192	2 2	Corynebacteriales	0.38409 339
2 3	Cardiobacteriales	0.39817 505	2 3	Synergistales	0.34536 407
2 4	Mycoplasmatales	0.34939 718	2 4	Xanthomonadales	0.29519 617
	Others	0.25598 87	2 5	Propionibacteriales	0.28368 403
2 5	unidentified_Gracilibacteria	0.21759 801	2 6	Staphylococcales	0.27349 597
2 6	Xanthomonadales	0.21702 728	2 7	Acholeplasmatales	0.25779 092

2	Propionibacteriales	0.21253	2	Christensenellales	0.24815
7		759	8		456
2	Acholeplasmatales	0.20572	2	Euzebyales	0.15778
8		695	9		614
2	Clostridia_UCG-014	0.15710	3	unidentified_Gracilibacteria	0.14638
9		127	0		434
3	Euzebyales	0.13309	3	Mycoplasmatales	0.11195
0		282	1		828
3	JGI_0000069-P22	0.12666	3	JGI_0000069-P22	0.09904
1		266	2		85
3	Corynebacteriales	0.12643	3	Veillonellales-	0.09367
2		437	3	Selenomonadales	862
3	Veillonellales-	0.10459		Others	0.08908
3	Selenomonadales	467			113
3	Micrococcales	0.09877	3	Clostridia_UCG-014	0.04295
4		329	4		902
3	Sphingobacteriales	0.06281	3	Desulfobulbales	0.04244
5		768	5		41
3	Methanosarciniales	0.04763	3	Bradymonadales	0.04093
6		642	6		612
3	Bacillales	0.04124	3	Sphingobacteriales	0.03129
7		432	7		977
3	Bradymonadales	0.03759	3	Methanomassiliicoccales	0.02633
8		168	8		447
3	unidentified_MVP-15	0.02473	3	Clostridiales	0.02552
9		137	9		531
4	Clostridia_vadinBB60_grou	0.02218	4	Acidaminococcales	0.01989
0	p	214	0		797
4	Izemoplasmatales	0.00707	4	unidentified_MVP-15	0.01460
1		698	1		165
4	Methanobacteriales	0.00673	4	Bacillales	0.01342
2		454	2		47
4	RF39	0.00502	4	Methanobacteriales	0.00551
3		237	3		7
4	Polyangiales	0.00483	4	Methanosarciniales	0.00525
4		213	4		954
4	Desulfobulbales	0.00395	4	Candidatus_Pacebacteria	0.00415
5		702	5		614
4	Acidaminococcales	0.00270	4	Bacteriovoracales	0.00408
6		143	6		258
4	Methanomassiliicoccales	0.00243	4	Clostridia_vadinBB60_grou	0.00389
7		509	7	p	868
4	Sphingomonadales	0.00239	4	RF39	0.00253
8		704	8		782
4	Clostridiales	0.00216	4	Polyangiales	0.00246
9		875	9		426
5	Rhodospirillales	0.00167	5	Candidatus_Moranbacteria	0.00198
0		412	0		612
5	Deinococcales	0.00117	5	Coriobacteriales	0.00183
1		95	1		9
5	Candidatus_Pacebacteria	0.00110	5	Izemoplasmatales	0.00150
2		34	2		798
5	Rhodobacterales	0.00102	5	Anaerolineales	0.00139
3		73	3		764
5	Rhizobiales	0.00095	5	Rhodobacterales	0.00095
4		121	4		628
5	Anaerolineales	0.00079	5	Sphingomonadales	0.00091
5		901	5		95
5	Coriobacteriales	0.00072	5	Chloroplast	0.00066
6		292	6		204

5	Caulobacterales	0.00072	5	Deinococcales	0.00062
7		292	7		526
5	Frankiales	0.00041	5	Rhizobiales	0.00055
8		853	8		17
5	Bacteriovoracales	0.00030	5	Rhodospirillales	0.00047
9		439	9		814
6	Chloroplast	0.00026	6	Bifidobacteriales	0.00047
0		634	0		814
6	Syntrophomonadales	0.00022	6	Pseudonocardiales	0.00047
1		829	1		814
6	Rickettsiales	0.00019	6	Caulobacterales	0.00044
2		024	2		136
6	Acetobacterales	7.61E-05	6	Kineosporiales	0.00044
3			3		136
6	Exiguobacterales	7.61E-05	6	Frankiales	0.00029
4			4		424
6	Pyrinomonadales	7.61E-05	6	Rickettsiales	0.00029
5			5		424
6	Gaiellales	7.61E-05	6	Gemmatimonadales	0.00029
6			6		424
6	Bifidobacteriales	3.80E-05	6	Acetobacterales	0.00025
7			7		746
6	Thermomicrobiales	3.80E-05	6	Thermomicrobiales	0.00025
8			8		746
6	Gemmatimonadales	3.80E-05	6	Defluviicoccales	0.00014
9			9		712
7	Solirubrobacterales	3.80E-05	7	Rhodothermales	0.00014
0			0		712
			7	Competibacteriales	0.00014
			1		712
			7	Micromonosporales	0.00011
			2		034
			3	Chitinophagales	3.68E-05
			7	Aneurinibacillales	3.68E-05
			4		
			7	Solirubrobacterales	3.68E-05
			5		
			7	Oscillospirales	3.68E-05
			<u>6</u>		

En la Tabla 5 se observa una diferencia en los órdenes bacterianos presentes en los microbiomas de los perros. En aquellos alimentados con comida casera, se destaca el predominio del orden Bacteroidales (28.37%), mientras que en los perros que reciben comida balanceada, el orden predominante es Pseudomonadales (29.06%). Estos datos sugieren la existencia de diferencias significativas en la microbiota a nivel del taxón orden entre los perros que consumen alimento balanceado y aquellos que se alimentan con comida casera.

Figura 7. Distribución de los 10 Ordenes más abundantes en la microbiota de canes alimentados con dieta casera (C) y balanceada (B). Se presenta un barplot comparando la abundancia relativa de cada orden según el tipo de dieta recibida por los animales

En el gráfico de barras presentado en la figura 7, se observa que en los perros alimentados con comida balanceada predomina el orden bacteriano Pseudomonadales, en contraste con los perros que reciben dieta casera, donde este orden presenta una representación menos significativa. Para los perros alimentados con comida casera, se destaca la barra de color verde, que representa a los Bacteroidales, los cuales son más representativos en esta población. Además, se identifica una barra de color amarillo que corresponde a órdenes bacterianos que hasta la fecha no han sido identificados o caracterizados con precisión.

Tabla 6. Abundancia relativa del taxon Familia para canes alimentados con Dieta comercial y Dieta balanceada

Nº	FAMILIA	%C	Nº	FAMILIA	%B
1	Porphyromonadaceae	22.189	1	Pseudomonadaceae	22.4
2	Pasteurellaceae	13.003	2	Porphyromonadaceae	18.5
3	Neisseriaceae	6.235	3	Moraxellaceae	6.63
4	Moraxellaceae	5.190	4	Fusobacteriaceae	6.33
5	Peptostreptococcaceae	5.092	5	Pasteurellaceae	5.57
6	Fusobacteriaceae	4.649	6	Prevotellaceae	4.2
7	Spirochaetaceae	4.170	7	Peptostreptococcaceae	3.83
8	Leptotrichiaceae	3.946	8	Neisseriaceae	2.83
9	Prevotellaceae	3.570	9	Flavobacteriaceae	2.35
10	Actinomycetaceae	2.990	10	Actinomycetaceae	2.1
11	Lachnospiraceae	2.692	11	Spirochaetaceae	1.77
12	Fusibacteraceae	1.757	12	Weeksellaceae	1.71
13	Weeksellaceae	1.696	13	Comamonadaceae	1.41
14	Flavobacteriaceae	1.517	14	Lachnospiraceae	1.28
15	Comamonadaceae	1.373	15	Family_XI	1.22
16	unidentified_Absconditabacteriales_(SR1)	1.129	16	Fusibacteraceae	1.13
17	Family_XI	1.111	17	Leptotrichiaceae	0.936
18	Hungateiclostridiaceae	1.085	18	Defluviitaleaceae	0.926
19	Gemellaceae	1.056	19	Campylobacteraceae	0.897
20	Tannerellaceae	1.026	20	unidentified_Kapabacteriales	0.867
21	Campylobacteraceae	0.992	21	Saccharimonadaceae	0.822
22	Defluviitaleaceae	0.964	22	Streptococcaceae	0.782

23	Bacteroidaceae	0.922	23	Erysipelotrichaceae	0.78
24	Peptococcaceae	0.883	24	Hungateiclostridiaceae	0.739
25	Pseudomonadaceae	0.850	25	unidentified_ Absconditabacteriales_(SR 1)	0.73
26	unidentified_Kapabacteriales	0.720	26	Bacteroidaceae	0.716
27	Streptococcaceae	0.597	27	Cardiobacteriaceae	0.636
28	Saccharimonadaceae	0.578	28	Peptococcaceae	0.6
29	Erysipelotrichaceae	0.521	29	Tannerellaceae	0.588
30	Christensenellaceae	0.495	30	MgMjR-022	0.546
31	Anaerovoracaceae	0.461	31	Desulfovibrionaceae	0.521
32	Aerococcaceae	0.451	32	Corynebacteriaceae	0.384
33	Synergistaceae	0.413	33	Synergistaceae	0.345
34	Cardiobacteriaceae	0.398	34	Paludibacteraceae	0.322
35	Burkholderiaceae	0.391	35	Micrococcaceae	0.313
36	Others	0.384	36	Xanthomonadaceae	0.295
37	Mycoplasmataceae	0.349	37	Propionibacteriaceae	0.284
38	Desulfovibrionaceae	0.345	38	Gemellaceae	0.262
39	Arcobacteraceae	0.330	39	Enterobacteriaceae	0.26
40	Aquaspirillaceae	0.239	40	Acholeplasmataceae	0.258
41	Carnobacteriaceae	0.227	41	Christensenellaceae	0.248
42	unidentified_Gracilibacteria	0.218	42	Burkholderiaceae	0.247
43	Xanthomonadaceae	0.217	43	Aerococcaceae	0.222
44	Propionibacteriaceae	0.212	44	Anaerovoracaceae	0.188
45	Acholeplasmataceae	0.206	45	Others	0.181
46	Rikenellaceae	0.181	46	Euzebyaceae	0.158
47	Paludibacteraceae	0.181	47	Rikenellaceae	0.151
48	Desulfoplanaceae	0.164	48	Helicobacteraceae	0.148
49	Desulfomicrobiaceae	0.163	49	unidentified_Gracilibacteria	0.146
50	unidentified_Clostridia_UC G-014	0.157	50	Desulfomicrobiaceae	0.121
51	Euzebyaceae	0.133	51	Mycoplasmataceae	0.112
52	Helicobacteraceae	0.133	52	Aquaspirillaceae	0.106
53	Corynebacteriaceae	0.126	53	Microbacteriaceae	0.104
54	MgMjR-022	0.120	54	Carnobacteriaceae	0.0953
55	F082	0.109	55	Rhodocyclaceae	0.0749
56	Selenomonadaceae	0.093	56	Arcobacteraceae	0.0713
57	Rhodocyclaceae	0.066	57	Veillonellaceae	0.0567

58	Microbacteriaceae	0.066	58	unidentified_JGI_ 0000069-P22	0.0517
59	Lentimicrobiaceae	0.063	59	UCG-014	0.043
60	Marinifilaceae	0.060	60	Desulfobulbaceae	0.0424
61	Methanosarcinaceae	0.048	61	Selenomonadaceae	0.037
62	unidentified_JGI_ 0000069-P22	0.046	62	Lentimicrobiaceae	0.0308
63	Bacillaceae	0.041	63	Marinifilaceae	0.0303
64	Oscillospiraceae	0.033	64	Desulfoplanaceae	0.0271
65	Micrococcaceae	0.032	65	Methanomethylophilaceae	0.0263
66	unidentified_MVP-15	0.025	66	Oscillospiraceae	0.0255

67	unidentified_Clostridia_vadinBB60_group	0.022	67	Dysgonomonadaceae	0.0228
68	Dysgonomonadaceae	0.015	68	Acidaminococcaceae	0.0199
69	unidentified_Saccharimonadales	0.012	69	Oscillospiraceae	0.0187
70	Veillonellaceae	0.012	70	unidentified_MVP-15	0.0146
71	Methanobacteriaceae	0.007	71	Bacillaceae	0.0132
72	unidentified_Bradymonadales	0.005	72	Staphylococcaceae	0.0117
73	Phaselicystidaceae	0.005	73	Enterococcaceae	0.0113
74	Enterobacteriaceae	0.005	74	F082	0.00794
75	unidentified_Oscillospirales	0.005	75	unidentified_Saccharimonadales	0.0075
76	Desulfobulbaceae	0.004	76	Unidentified_Bradymonadales	0.00603
77	unidentified_RF39	0.004	77	Rs-M59_termite_group	0.00559
78	Rs-M59_termite_group	0.004	78	Methanobacteriaceae	0.00552
79	Staphylococcaceae	0.004	79	Methanosarcinaceae	0.00526
80	Acidaminococcaceae	0.003	80	Bacteriovoracaceae	0.00408
81	Methanomethylophilaceae	0.002	81	unidentified_Clostridia_vadinBB60_group	0.0039
82	Sphingomonadaceae	0.002	82	Phaselicystidaceae	0.00246
83	Oscillospiraceae	0.002	83	Lactobacillaceae	0.00232
84	unidentified_Rhodospirillales	0.001	84	Ruminococcaceae	0.00162
85	Deinococcaceae	0.001	85	unidentified_RF39	0.00143
86	Rhodobacteraceae	0.001	86	Anaerolineaceae	0.0014
87	Anaerolineaceae	0.001	87	Eggerthellaceae	0.00129
88	Xanthobacteraceae	0.001	88	Rhodobacteraceae	0.000956
89	Planococcaceae	0.00072	89	Sphingomonadaceae	0.000919
90	Aeromonadaceae	0.00072	90	unidentified_Chloroplast	0.000662

En la Tabla 6 se identifican 127 familias en la microbiota oral de perros alimentados con dieta casera y 136 familias en aquellos que consumen dieta balanceada. Entre estas, la familia Porphyromonadaceae representa el 22.2% de los casos en perros alimentados con comida casera, mientras que la familia

Pseudomonadaceae alcanza el 22.4% en perros con dieta balanceada. La presencia de la familia Pseudomonadaceae sugiere una relevancia patogénica potencial en la microbiota canina, lo que podría tener implicaciones significativas para la salud tanto del can como de sus propietarios.

Figura 8. Distribución de las 10 Familias más abundantes en la microbiota de canes alimentados con dieta casera (C) y balanceada (B). Se presenta un barplot comparando la abundancia relativa de cada Familia según el tipo de dieta recibida por los animales

En la figura 8 se observa que una gran parte de los perros alimentados con comida casera presenta una microbiota oral predominantemente de la familia Porphyromonadaceae (representada por las barras de color azul). Por otro lado, los perros que consumen distintos tipos de alimentos comerciales balanceados muestran una mayor abundancia de microorganismos de la familia Pseudomonadaceae (indicados por las barras de color anaranjado).

Tabla 7. Abundancia relativa del taxon Género para canes alimentados con Dieta comercial y Dieta balanceada

Nº	GÉNERO	%C	Nº	GÉNERO	%B
1	<i>Porphyromonas</i> ;	22.19	1	<i>Pseudomonas</i> ;	22.4
	<i>Others</i>	5.762	2	<i>Porphyromonas</i> ;	18.5
2	<i>Haemophilus</i> ;	5.601	3	<i>Fusobacterium</i> ;	6.33
3	<i>Moraxella</i> ;	5.093	4	<i>Moraxella</i> ;	5.07
4	<i>Fusobacterium</i> ;	4.649	5	<i>Alloprevotella</i> ;	3.59
5	<i>Treponema</i> ;	4.094		<i>Others</i>	2.85
6	<i>Neisseria</i> ;	3.661	6	<i>Actinomyces</i> ;	2.1
7	<i>Alloprevotella</i> ;	3.267	7	<i>Haemophilus</i> ;	1.97
8	<i>Actinomyces</i> ;	2.990	8	<i>Treponema</i> ;	1.75
9	<i>Streptobacillus</i> ;	2.950	9	<i>Bergeyella</i> ;	1.7
10	<i>Conchiformibius</i> ;	2.465	10	<i>unidentified_Peptostreptococcaceae</i> ;	1.5
11	<i>unidentified_Peptostreptococcaceae</i> ;	2.436	11	<i>Capnocytophaga</i> ;	1.44
12	<i>Fusibacter</i> ;	1.757	12	<i>Neisseria</i> ;	1.43
13	<i>Bergeyella</i> ;	1.696	13	<i>Conchiformibius</i> ;	1.37
14	<i>Pasteurella</i> ;	1.577	14	<i>Fusibacter</i> ;	1.13
15	<i>Catonella</i> ;	1.574	15	<i>Pasteurella</i> ;	0.992
16	<i>Frederiksenia</i> ;	1.550	16	<i>Frederiksenia</i> ;	0.935
17	<i>Capnocytophaga</i> ;	1.258	17	<i>Defluviitaleaceae_UCG-011</i> ;	0.926
18	<i>unidentified_Absconditabacteriales_(SR1)</i> ;	1.129	18	<i>Flavobacterium</i> ;	0.914
19	<i>Mageeibacillus</i> ;	1.069	19	<i>Campylobacter</i> ;	0.897
20	<i>Gemella</i> ;	1.056	20	<i>Psychrobacter</i> ;	0.895
21	<i>Tannerella</i> ;	1.025	21	<i>unidentified_Kapabacteri</i>	0.867
22	<i>Campylobacter</i> ;	0.992	22	<i>Streptococcus</i> ;	0.782
23	<i>Defluviitaleaceae_UCG-011</i> ;	0.964	23	<i>Proteocatella</i> ;	0.763
24	<i>Bacteroides</i> ;	0.922	24	<i>unidentified_Absconditabacteriales_(SR1)</i> ;	0.73
25	<i>Peptococcus</i> ;	0.883	25	<i>Peptostreptococcus</i> ;	0.717
26	<i>Filifactor</i> ;	0.878	26	<i>Mageeibacillus</i> ;	0.716
27	<i>Pseudomonas</i> ;	0.850	27	<i>Bacteroides</i> ;	0.716
28	<i>Proteocatella</i> ;	0.841	28	<i>Acinetobacter</i> ;	0.667
29	<i>Oceanivirga</i> ;	0.727	29	<i>Parvimonas</i> ;	0.638
30	<i>unidentified_Kapabacteriales</i> ;	0.720	30	<i>unidentified_Cardiobacteriaceae</i> ;	0.625
31	<i>Eubacterium</i> ;	0.644	31	<i>Peptococcus</i> ;	0.6
32	<i>Streptococcus</i> ;	0.597	32	<i>Tannerella</i> ;	0.573
33	<i>Corticibacter</i> ;	0.584	33	<i>[Anaerorhabdus]_furcosa_group</i> ;	0.573
34	<i>Johnsonella</i> ;	0.529	34	<i>unidentified_MgMjR-022</i>	0.546
35	<i>Parvimonas</i> ;	0.509	35	<i>Desulfovibrio</i> ;	0.521
36	<i>Christensenellaceae_R-7_group</i> ;	0.494	36	<i>Corticibacter</i> ;	0.473
37	<i>Fretibacterium</i> ;	0.411	37	<i>Catonella</i> ;	0.468
38	<i>Abiotrophia</i> ;	0.411	38	<i>Streptobacillus</i> ;	0.464
39	<i>Lautropia</i> ;	0.390	39	<i>TM7x</i> ;	0.459
40	<i>unidentified_Cardiobacteriaceae</i> ;	0.354	40	<i>Johnsonella</i> ;	0.458
41	<i>Desulfovibrio</i> ;	0.345	41	<i>Filifactor</i> ;	0.457
42	<i>unidentified_Family_XI</i>	0.333	42	<i>Corynebacterium</i> ;	0.384
43	<i>Arcobacteraceae;g__Arcobacter</i> ;	0.330	43	<i>Eubacterium</i> ;	0.375

44	TM7x;	0.296	44	Candidatus_Saccharim	0.355
45	[Anaerorhabdus]_furco	0.294	45	Fretibacterium;	0.343
46	Roseburia;	0.291	46	Prevotella;	0.324
47	Candidatus_Sacchari	0.278	47	Rothia;	0.307
48	monas;		48	Luteimonas;	0.28
48	Peptostreptococcus;	0.264	49	Prevotella_7;	0.268
49	Flavobacterium;	0.259	50	Gemella;	0.262
50	Leptotrichia;	0.242	51	Acholeplasma;	0.258
51	Aquaspirillum;	0.239	52	Christensenellaceae_R-	0.248
52	Mycoplasma;	0.238	52	7_group;	
53	Acetitomaculum;	0.232	53	Lautropia;	0.247
54	Granulicatella;	0.227	54	F0058;	0.245
55	unidentified_Gracilibac	0.218	55	Escherichia-Shigella;	0.24
56	teria;		56	unidentified_Family_XI;	0.228
56	Luteimonas;	0.210	57	Propioniciclava;	0.217
57	Acholeplasma;	0.206	58	Oceanivirga;	0.203
58	Prevotella_7;	0.194	59	Leptotrichia;	0.202
59	Amnipila;	0.175	60	Helcococcus;	0.178
60	Desulfoplanes;	0.164	61	Acetitomaculum;	0.172
61	Desulfomicrobium;	0.163	62	Abiotrophia;	0.158
62	Peptoniphilus;	0.159	63	unidentified_Euzebyace	0.158
63	unidentified_Clostridia	0.157	63	ae;	
64	_UCG-014;		64	unidentified_Erysipelotri	0.158
64	Rikenellaceae_RC9_g	0.140	65	chaceae;	
65	ut_group;		65	Brachymonas;	0.153
65	unidentified_Euzebyac	0.133	66	Rikenellaceae_RC9_gut	0.151
66	eae;		67	Wolinella;	0.148
66	Wolinella;	0.133	68	unidentified_Gracilibacte	0.146
67	Corynebacterium;	0.126	68	ria;	
68	unidentified_MgMjR-	0.120	69	Roseburia;	0.127
69	022;		70	Desulfomicrobium;	0.121
69	Ureaplasma;	0.111	71	Aquaspirillum;	0.106
70	unidentified_F082;	0.109	72	W5053;	0.106
71	F0058;	0.106	73	Granulicatella;	0.0953
72	unidentified_Anaerovo;	0.105	74	Leucobacter;	0.0921
73	Helcococcus;	0.102	75	Mycoplasma;	0.0864
74	Brachymonas;	0.099	76	Propionivibrio;	0.0749
75	Propioniciclava;	0.098	77	Arcobacter;	0.0713
76	Erysipelothrix;	0.097	78	unidentified_Leptotrichia	0.0668
77	Prevotella;	0.08325	79	unidentified_Aerococcac	0.0634
78	Selenomonas;	0.08169	80	unidentified_Anaerovor;	0.0554
79	Tessaracoccus;	0.07553			
80	Propionivibrio;	0.06620			

En la Tabla 7 se identifican 223 géneros en la microbiota oral de perros alimentados con dieta casera y 253 géneros en aquellos que consumen dieta balanceada. En perros alimentados con comida casera, el género *Porphyromonas* representa el 22.19%, seguido de *Haemophilus* y *Moraxella*, cada uno contribuyendo con un 5%. Otros géneros, como *Fusobacterium* y *Treponema*, representan un 4%. En contraste, en perros alimentados con

comida balanceada, el género *Pseudomonas* predomina con un 22.4%, seguido por *Porphyromonas*, que representa el 18.5%.

Figura 9. Distribución de los 20 Géneros más abundantes en la microbiota de canes alimentados con dieta casera (C) y balanceada (B). Se presenta un barplot comparando la abundancia relativa de cada Genero según el tipo de dieta recibida por los animales

En la figura 9 se observa que una gran parte de los perros alimentados con comida casera presenta una microbiota oral predominantemente del género *Porphyromona* (representada por las barras de color azul). Por otro lado, los perros que consumen distintos tipos de alimentos comerciales balanceados muestran una mayor abundancia de microorganismos del Género *Pseudomonas* (indicados por las barras de color celeste).

Tabla 8. Abundancia relativa de especies de la microbiota oral en canes alimentados con dieta comercial y dieta balanceada

N ^o	ESPECIE	%C	N ^o	ESPECIE	%B
	<i>Others</i>	52.6		<i>Others</i>	36.5
		790			157
1	<i>Porphyromonas_cangingivalis</i>	5.54	1	<i>Pseudomonas_yamanorum</i>	13.0
		17			704
2	<i>Porphyromonas_gingivicanis</i>	2.51	2	<i>Pseudomonas_veronii</i>	8.94
		28			64
3	<i>Porphyromonas_canoris</i>	2.10	3	<i>Porphyromonas_cangingivalis</i>	5.11
		48			79
4	<i>Treponema_denticola</i>	1.92	4	<i>Porphyromonas_canoris</i>	2.97
		73			04
5	<i>Fusobacterium_sp_canine_oral_taxon_439</i>	1.34	5	<i>Porphyromonas_gingivicanis</i>	1.58
		79			38
6	<i>Prevotella_sp_canine_oral_taxon_284</i>	1.24	6	<i>Bergeyella_zoohecum</i>	1.54
		44			70
7	<i>Peptostreptococcaceae_bacterium_feline_oral_taxon_040</i>	1.24	7	<i>Fusobacterium_nucleatum</i>	1.50
		44			53
8	<i>Conchiformibius_steadae</i>	1.16	8	<i>Alloprevotella_sp_feline_oral_taxon_167</i>	1.38
		99			90
9	<i>Pasteurellaceae_bacterium_canine_oral_taxon_272</i>	1.13	9	<i>Treponema_denticola</i>	1.02
		29			87
10	<i>Porphyromonas_sp_COT-290_OH3588</i>	1.02	1	<i>Conchiformibius_steadae</i>	0.97
		61	0		46
11	<i>Tannerella_forsythia</i>	1.02	1	<i>Schaalia_canis</i>	0.95
		52	1		65
12	<i>Bergeyella_zoohecum</i>	1.01	1	<i>Chlorobi_bacterium_canine_oral_taxon_046</i>	0.85
		70	2		87
13	<i>Porphyromonas_sp_COT-239_OH1446</i>	0.99	1	<i>Prevotella_sp_canine_oral_taxon_282</i>	0.81
		94	3		43
14	<i>Alloprevotella_sp_feline_oral_taxon_167</i>	0.98	1	<i>Capnocytophaga_cynodegmi</i>	0.76
		95	4		30
15	<i>Clostridiales_bacterium_canine_oral_taxon_216</i>	0.98	1	<i>Prevotella_sp_canine_oral_taxon_284</i>	0.72
		10	5		22
16	<i>Porphyromonas_sp_canine_oral_taxon_366</i>	0.98	1	<i>Fusobacterium_sp_canine_oral_taxon_439</i>	0.70
		08	6		70
17	<i>Fusobacterium_nucleatum</i>	0.88	1	<i>Psychrobacter_faecalis</i>	0.69
		10	7		57
18	<i>Peptococcus_sp_canine_oral_taxon_044</i>	0.87	1	<i>Pasteurellaceae_bacterium_canine_oral_taxon_272</i>	0.66
		89	8		50
19	<i>Porphyromonas_sp_canine_oral_taxon_361</i>	0.83	1	<i>Acinetobacter_johnsonii</i>	0.63
		00	9		98
20	<i>Schaalia_canis</i>	0.79	2	<i>Prevotella_sp_canine_oral_taxon_226</i>	0.63
		42	0		38
21	<i>Peptostreptococcaceae_bacterium_canine_oral_taxon_004</i>	0.79	2	<i>Cardiobacterium_sp_canine_oral_taxon_238</i>	0.62
		41	1		53
22	<i>Neisseria_weaveri</i>	0.75	2	<i>Clostridiales_bacterium_canine_oral_taxon_216</i>	0.62
		18	2		34
23	<i>Chlorobi_bacterium_canine_oral_taxon_046</i>	0.71	2	<i>Peptococcus_sp_canine_oral_taxon_044</i>	0.59
		50	3		94
24	<i>Capnocytophaga_cynodegmi</i>	0.67	2	<i>Porphyromonas_sp_COT-239_OH1446</i>	0.57
		99	4		80
25	<i>SR1_bacterium_canine_oral_taxon_369</i>	0.60	2	<i>Erysipelotrichaceae_bacterium_feline_oral_taxon_121</i>	0.57
		77	5		33
26	<i>Actinomyces_sp_feline_oral_taxon_321</i>	0.59	2	<i>Tannerella_forsythia</i>	0.57
		92	6		23

2	<i>Prevotella_sp_canine_oral_taxo</i>	0.58	2	<i>Bacteroidia_bacterium_canine_</i>	0.54
7	<i>n_226</i>	97	7	<i>oral_taxon_301</i>	64
2	<i>Bacteroides_sp_canine_oral_tax</i>	0.48	2	<i>Actinomyces_sp_feline_oral_tax</i>	0.52
8	<i>on_040</i>	10	8	<i>on_321</i>	85
2	<i>Porphyromonas_sp_canine_oral</i>	0.41	2	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.50
9	<i>_taxon_281</i>	96	9	<i>um_feline_oral_taxon_040</i>	59
3	<i>Clostridiales_bacterium_canine_</i>	0.41	3	<i>Bacteroides_sp_canine_oral_tax</i>	0.50
0	<i>oral_taxon_028</i>	64	0	<i>on_040</i>	45
3	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.39	3	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.49
1	<i>um_canine_oral_taxon_019</i>	76	1	<i>um_canine_oral_taxon_004</i>	81
3	<i>Streptococcus_sp_canine_oral_t</i>	0.39	3	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.45
2	<i>axon_279</i>	54	2	<i>um_feline_oral_taxon_031</i>	89
3	<i>Treponema_sp_canine_oral_tax</i>	0.37	3	<i>Porphyromonas_sp_COT-</i>	0.43
3	<i>on_356</i>	20	3	<i>290_OH3588</i>	71
3	<i>Porphyromonas_crevioricanis</i>	0.35	3	<i>Porphyromonas_sp_canine_oral</i>	0.39
4		37	4	<i>_taxon_361</i>	42
3	<i>Cardiobacterium_sp_canine_ora</i>	0.35	3	<i>Porphyromonas_sp_canine_oral</i>	0.38
5	<i>l_taxon_238</i>	35	5	<i>_taxon_366</i>	79
3	<i>Catonella_sp_canine_oral_taxo</i>	0.34	3	<i>SR1_bacterium_canine_oral_tax</i>	0.38
6	<i>n_158</i>	94	6	<i>on_369</i>	59
3	<i>Tissierella_sp_feline_oral_taxon</i>	0.33	3	<i>Neisseria_weaveri</i>	0.32
7	<i>_025</i>	32	7		99
3	<i>Bacteroides_pyogenes</i>	0.29	3	<i>Prevotella_intermedia</i>	0.31
8		85	8		91
3	<i>Catonella_sp_canine_oral_taxo</i>	0.29	3	<i>Porphyromonas_sp_canine_oral</i>	0.31
9	<i>n_025</i>	80	9	<i>_taxon_281</i>	35
4	<i>Prevotella_sp_canine_oral_taxo</i>	0.29	4	<i>Rothia_endophytica</i>	0.30
0	<i>n_282</i>	75	0		66
4	<i>SR1_bacterium_canine_oral_tax</i>	0.29	4	<i>Lachnospiraceae_bacterium_ca</i>	0.26
1	<i>on_380</i>	41	1	<i>nine_oral_taxon_037</i>	73
4	<i>Erysipelotrichaceae_bacterium_f</i>	0.29	4	<i>Prevotella_sp_canine_oral_taxo</i>	0.26
2	<i>eline_oral_taxon_121</i>	35	2	<i>n_195</i>	52
4	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.28	4	<i>Escherichia_coli</i>	0.23
3	<i>um_feline_oral_taxon_017</i>	22	3		98
4	<i>Aquaspirillum_sp_feline_oral_ta</i>	0.23	4	<i>TM7_phylum_sp_canine_oral_ta</i>	0.23
4	<i>xon_079</i>	85	4	<i>xon_363</i>	80
4	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.22	4	<i>Tissierella_sp_feline_oral_taxon</i>	0.22
5	<i>um_feline_oral_taxon_068</i>	99	5	<i>_025</i>	83
4	<i>Treponema_sp_canine_oral_tax</i>	0.22	4	<i>Porphyromonas_crevioricanis</i>	0.22
6	<i>on_359</i>	69	6		33
4	<i>Lachnospiraceae_bacterium_feli</i>	0.20	4	<i>Streptococcus_minor</i>	0.22
7	<i>ne_oral_taxon_003</i>	66	7		33
4	<i>SR1_bacterium_oral_taxon_875</i>	0.20	4	<i>Treponema_sp_canine_oral_tax</i>	0.21
8		60	8	<i>on_356</i>	82
4	<i>Lachnospiraceae_bacterium_ca</i>	0.20	4	<i>Porphyromonadaceae_bacteriu</i>	0.21
9	<i>nine_oral_taxon_399</i>	53	9	<i>m_COT-184_OH4590</i>	73
5	<i>Porphyromonas_macacae</i>	0.20	5	<i>Propionibacterium_sp_canine_o</i>	0.21
0		28	0	<i>ral_taxon_300</i>	68
5	<i>Porphyromonas_sp_canine_oral</i>	0.19	5	<i>Catonella_sp_canine_oral_taxo</i>	0.21
1	<i>_taxon_181</i>	28	1	<i>n_158</i>	64
5	<i>Prevotella_sp_canine_oral_taxo</i>	0.19	5	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.19
2	<i>n_195</i>	02	2	<i>um_feline_oral_taxon_068</i>	15
5	<i>Treponema_sp_IQAT20</i>	0.18	5	<i>Lachnospiraceae_bacterium_feli</i>	0.18
3		63	3	<i>ne_oral_taxon_003</i>	91
5	<i>Lachnospiraceae_bacterium_ca</i>	0.18	5	<i>Psychrobacter_sp_PRwf-1</i>	0.18
4	<i>nine_oral_taxon_036</i>	62	4		84
5	<i>TM7_phylum_sp_canine_oral_ta</i>	0.18	5	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.18
5	<i>xon_363</i>	30	5	<i>um_canine_oral_taxon_019</i>	77
5	<i>Desulfomicrobium_orale</i>	0.16	5	<i>SR1_bacterium_oral_taxon_875</i>	0.18
6		26	6		72

5	<i>Treponema_sp_canine_oral_tax</i>	0.16	5	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.18
7	<i>on_233</i>	17	7	<i>um_canine_oral_taxon_104</i>	38
5	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.16	5	<i>Helcococcus_sp_canine_oral_ta</i>	0.16
8	<i>um_canine_oral_taxon_096</i>	05	8	<i>xon_069</i>	75
5	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.15	5	<i>Actinobacteria_bacterium_canin</i>	0.15
9	<i>um_canine_oral_taxon_104</i>	73	9	<i>e_oral_taxon_406</i>	78
6	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.15	6	<i>Brachymonas_sp_canine_oral_t</i>	0.15
0	<i>um_feline_oral_taxon_069</i>	24	0	<i>axon_015</i>	33
6	<i>Mycoplasma_feliminum</i>	0.14	6	<i>Lachnospiraceae_bacterium_ca</i>	0.14
1		21	1	<i>nine_oral_taxon_036</i>	98
6	<i>Treponema_sp_canine_oral_tax</i>	0.13	6	<i>Clostridiales_bacterium_canine_</i>	0.14
2	<i>on_201</i>	53	2	<i>oral_taxon_028</i>	83
6	<i>Actinobacteria_bacterium_canin</i>	0.13	6	<i>Wolinella_succinogenes</i>	0.14
3	<i>e_oral_taxon_406</i>	31	3		80
6	<i>Wolinella_succinogenes</i>	0.13	6	<i>Erysipelotrichaceae_bacterium_</i>	0.13
4		28	4	<i>canine_oral_taxon_255</i>	50
6	<i>Prevotella_sp_canine_oral_taxo</i>	0.13	6	<i>Acholeplasma_sp_KDA-feline</i>	0.13
5	<i>n_372</i>	15	5		30
6	<i>Mycoplasmopsis_canis</i>	0.13	6	<i>SR1_bacterium_canine_oral_tax</i>	0.13
6		05	6	<i>on_380</i>	20
6	<i>Prevotella_heparinolytica</i>	0.12	6	<i>Bacteroidia_bacterium_canine_</i>	0.12
7		10	7	<i>oral_taxon_387</i>	99
6	<i>Bacteroidia_bacterium_canine_</i>	0.12	6	<i>Mycoplasma_feliminum</i>	0.12
8	<i>oral_taxon_301</i>	02	8		30
6	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.11	6	<i>Desulfomicrobium_orale</i>	0.12
9	<i>um_feline_oral_taxon_134</i>	52	9		12
7	<i>Neisseria_zoodegmatis</i>	0.11	7	<i>Bacteroides_pyogenes</i>	0.11
0		44	0		99
7	<i>Porphyromonas_sp_canine_oral</i>	0.11	7	<i>Aquaspirillum_sp_feline_oral_ta</i>	0.10
1	<i>_taxon_401</i>	13	1	<i>xon_079</i>	58
7	<i>Ureaplasma_sp_canine_oral_ta</i>	0.11	7	<i>Streptococcus_sp_canine_oral_t</i>	0.10
2	<i>xon_315</i>	12	2	<i>axon_279</i>	52
7	<i>Bacteroidia_bacterium_feline_or</i>	0.10	7	<i>Treponema_sp_IQAT20</i>	0.09
3	<i>al_taxon_141</i>	86	3		72
7	<i>Bacteroidia_bacterium_canine_</i>	0.10	7	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.09
4	<i>oral_taxon_387</i>	19	4	<i>um_canine_oral_taxon_096</i>	33
7	<i>Clostridiales_bacterium_canine_</i>	0.09	7	<i>Clostridiales_bacterium_canine_</i>	0.09
5	<i>oral_taxon_100</i>	93	5	<i>oral_taxon_261</i>	09
7	<i>Brachymonas_sp_canine_oral_t</i>	0.09	7	<i>Prevotella_heparinolytica</i>	0.08
6	<i>axon_015</i>	87	6		51
7	<i>Propionibacterium_sp_canine_o</i>	0.09	7	<i>Gracilibacteria_bacterium_canin</i>	0.08
7	<i>ral_taxon_300</i>	76	7	<i>e_oral_taxon_394</i>	37
7	<i>Erysipelotrichaceae_bacterium_</i>	0.09	7	<i>Lachnospiraceae_bacterium_ca</i>	0.07
8	<i>canine_oral_taxon_381</i>	68	8	<i>nine_oral_taxon_099</i>	71
7	<i>Helcococcus_sp_canine_oral_ta</i>	0.09	7	<i>Propionivibrio_sp_canine_oral_t</i>	0.07
9	<i>xon_069</i>	27	9	<i>axon_223</i>	49
8	<i>Gracilibacteria_bacterium_canin</i>	0.08	8	<i>Peptostreptococcaceae_bacteri</i>	0.06
0	<i>e_oral_taxon_394</i>	76	0	<i>um_feline_oral_taxon_069</i>	70

Figura 10. Distribución de 10 Especies más abundantes en la microbiota de canes alimentados con dieta casera (C) y balanceada (B). Se presenta un barplot comparando la abundancia relativa de cada Especie según el tipo de dieta recibida por los animales

En esta figura 10, se presenta un análisis comparativo de la microbiota oral de perros alimentados con diferentes dietas. Se observa que en los perros que consumen comida balanceada, hay un predominio notable de las especies *Pseudomonas yamanorum* y *Pseudomonas veronii*. En contraste, los perros alimentados con dieta casera muestran una mayor abundancia de las especies *Porphyromonas cangingivalis*, *Porphyromonas gingivicanis* y *Porphyromonas canoris*. Estos hallazgos sugieren que la composición dietética puede influir significativamente en la diversidad y abundancia de especies bacterianas en la microbiota oral de los perros.

Figura 11. Mapa de calor de grupos de abundancia taxonómica familia

En la figura 11, se presenta un análisis comparativo de la microbiota oral de perros alimentados con diferentes dietas. Se observa que en los perros que consumen comida balanceada, hay un predominio notable de hasta 6 veces más en las familias Enterobacteriaceae, Micrococcaceae y Paludibactereacea esto verificable en el ADN40B y ADN54B. En contraste, los perros alimentados con dieta casera no muestran familias sobre expresadas. Estos hallazgos sugieren que la composición dietética puede influir significativamente en la diversidad y abundancia de especies bacterianas en la microbiota de los perros.

Figura 12. Mapa de calor de grupos de abundancia taxonómica género

En la figura 12, se presenta un análisis comparativo de la microbiota oral de perros alimentados con diferentes dietas. Se observa que en los perros que consumen comida balanceada, hay una sobre expresión de hasta 6 veces más la abundancia de los géneros F0058 (ADN54B), Bergeyella, Flavobacterium (ADN51B), Escherichia - Shigella y Rothia (ADN40B). En contraste, los perros alimentados con dieta casera uno de ellos muestra hasta 6 veces más una sobreexpresión en la abundancia para el género Oceanivirga (ADN21C) . Estos hallazgos sugieren que la composición dietética puede influir significativamente en la diversidad y abundancia de especies bacterianas especialmente en la microbiota de los perros de los perros alimentados con dieta balanceada.

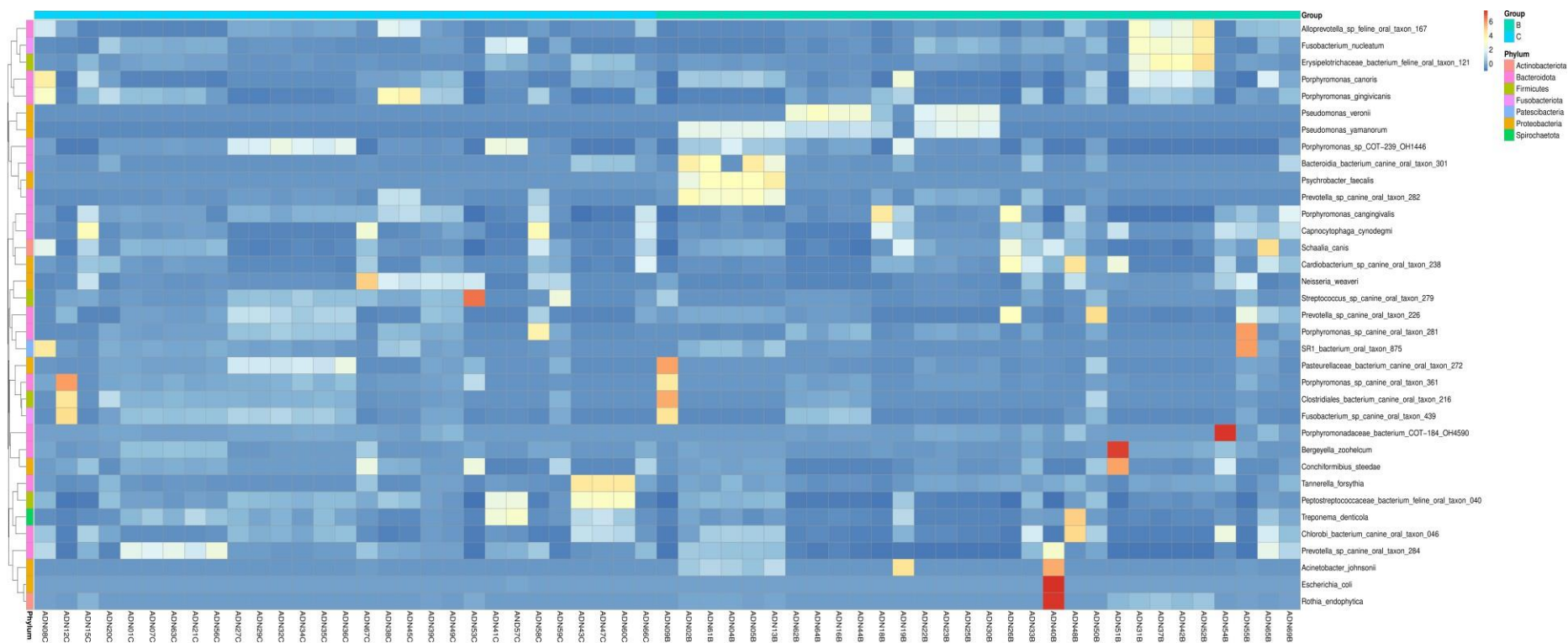


Figura 13. Mapa de calor de grupos de abundancia taxonómica especie.

En la figura 13, se presenta un análisis comparativo de la microbiota oral de perros alimentados con diferentes dietas. Se observa que en los perros que consumen comida balanceada, hay una sobre expresión de hasta 6 veces mas abundancia en las especies *Porphyromonadaceae bacterium* (ADN54B), *Bergeyella zoohelcum* (ADN51B), *Escherichia coli* y *Rothia endophytica* (ADN40B). En contraste, los perros alimentados con dieta casera no muestran una sobre expresión. Estos hallazgos sugieren que la composición dietética puede influir significativamente en la diversidad y abundancia de especies bacterianas especialmente en la microbiota de los perros de los perros alimentados con dieta balanceada.

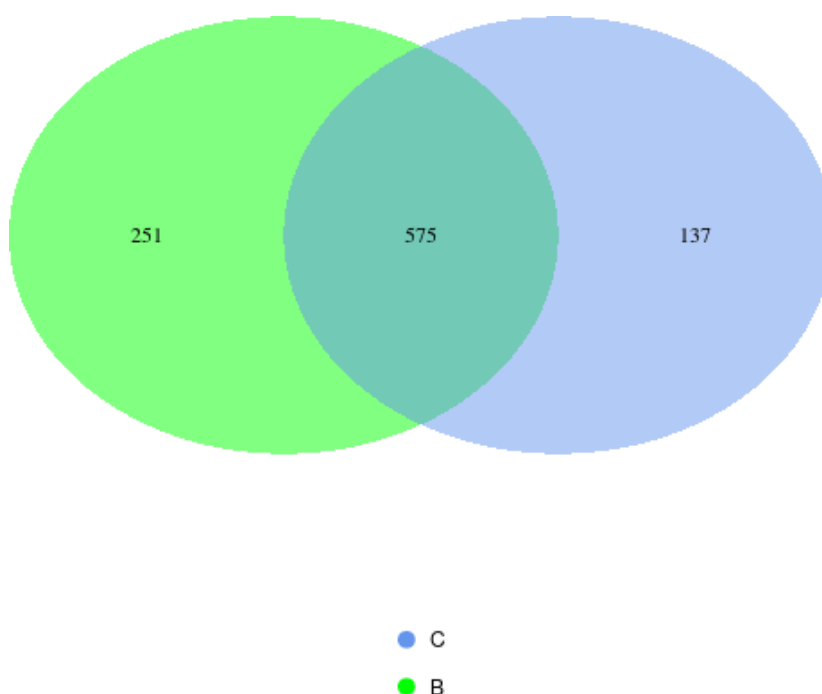


Figura 14. Diagrama de Venn

En la figura 14, el diagrama de Venn cuantifica la diversidad bacteriana en la cavidad oral canina, comparando dos regímenes alimenticios. La Intersección central (575 especies): Bacterias compartidas entre ambos grupos, representando un "núcleo microbiano común". Región izquierda (137 especies): Bacterias exclusivas de la dieta casera (C), posiblemente vinculadas a Ingredientes no procesados (ej. carne sancochada, verduras y menudencias) y mayor variabilidad en la composición nutricional. Región

derecha (251 especies): Bacterias exclusivas de la dieta balanceada (B), que superan numéricamente a las de la dieta casera, sugiriendo que los alimentos comerciales podrían contener aditivos (prebióticos, fibras) que favorecen la colonización de taxones específicos. La dieta balanceada mostró un 82% más de especies únicas (251 vs. 137), destacando su potencial para modular positivamente la microbiota oral. Este perfil microbiano sugiere que las dietas balanceadas podrían ofrecer ventajas ecológicas en la cavidad oral, posiblemente reduciendo el riesgo de disbiosis o enfermedades periodontales.

Figura 15. Árbol filogenético relación Phylum -Género

El árbol filogenético (Figura 15) agrupa secuencias bacterianas basadas en similitudes genéticas, revelando dos clados dominantes el color melón corresponde al phylum de Proteobacterias y el color beige al phylum Bacteroidota, estos 2 grupos son los que contienen mayor cantidad de géneros en el estudio. Datos obtenidos a través de la herramienta QIIME2.

Tabla 9. Índice de Biodiversidad Observada

Tipo alimento	Especies observadas	Shannon	Simpson	Chao1	ACE
ADN08C	254	5.284	0.949	289.053	289.068
ADN12C	217	4.795	0.94	276.5	245.856
ADN15C	186	5.511	0.954	223.188	230.372
ADN20C	318	6.169	0.971	337.773	341.539
ADN01C	285	6.107	0.972	290.44	294.622
ADN07C	291	6.082	0.972	316.588	311.664
ADN63C	296	6.105	0.971	325.176	318.709
ADN21C	296	6.087	0.972	319.167	295.55
ADN56C	286	6.117	0.971	299.571	295.55
ADN27C	321	6.08	0.971	356.062	342.621
ADN29C	313	6.054	0.97	324.5	320.339
ADN32C	309	6.029	0.972	317.261	319.729
ADN34C	320	6.124	0.968	349.821	341.253
ADN35C	324	6.156	0.973	365.353	354.905
ADN36C	323	5.842	0.962	362.056	349.758
ADN67C	238	5.457	0.951	250.545	256.163
ADN38C	258	5.674	0.962	267.13	270.515
ADN45C	283	5.562	0.96	310.038	313.385
ADN39C	385	6.28	0.971	399	401.995
ADN49C	399	6.362	0.974	431.621	434.111
ADN53C	197	4.087	0.886	206.37	210.31
ADN41C	308	6.401	0.971	325.55	327.253
ADN57C	303	5.358	0.979	308.7	312.908
ADN58C	279	5.667	0.973	324.048	320.158
ADN59C	369	6.38	0.978	410.129	418.207
ADN43C	180	4.548	0.886	196.25	204.092
ADN47C	170	4.712	0.905	169.308	182.105
ADN60C	180	4.61	0.892	187.65	191.976
ADN66C	276	5.715	0.973	305.333	302.474
ADN09B	223	4.133	0.897	246.433	250.867
ADN02B	252	4.945	0.878	259.435	264.188
ADN61B	254	4.91	0.879	289.769	281.434
ADN04B	249	4.927	0.883	278.176	279.828
ADN05B	257	4.816	0.876	285.636	292.513
ADN13B	243	5.005	0.889	247.375	252.712
ADN62B	309	4.056	0.825	326.032	329.947
ADN64B	319	3.652	0.713	340.303	342.701
ADN16B	335	4.099	0.871	392	392
ADN44B	294	3.99	0.814	305.812	310.434
ADN18B	132	3.615	0.856	149.273	151.658
ADN19B	317	5.724	0.961	326.286	334.352
ADN22B	274	4.446	0.86	283.5	284.359
ADN23B	263	4.015	0.875	275.688	273.607
ADN25B	290	3.881	0.803	331.13	323.903
ADN30B	306	3.956	0.815	366.273	346.673
ADN26B	140	4.071	0.878	237.5	219.119
ADN33B	284	6.166	0.916	290.577	297.439
ADN40B	147	4.005	0.838	157	159.731
ADN48B	264	5.506	0.96	297.913	299.52
ADN50B	363	6.39	0.978	388.375	378.878
ADN51B	208	3.727	0.845	230.957	230.394
ADN31B	267	5.096	0.946	294.444	299.022
ADN37B	257	5.14	0.946	286.848	274.149
ADN42B	265	5.215	0.95	288.786	295.244
ADN52B	251	5.233	0.95	269.125	275.516
ADN54B	190	5.207	0.921	202.75	210.321

ADN55B	242	5.37	0.931	274.8	280.575
ADN65B	253	6.101	0.975	286.462	281.025
ADN69B	263	5.68	0.94	279.235	279.009

En la Tabla 9 se identifican el número de especies observadas con indicadores de diversidad alfa y estimadores paramétricos, se concluye en esta tabla que dieta casera muestra un 13% más de riqueza microbiana en promedio, sugiriendo un ambiente oral que favorece mayor diversidad taxonómica.

4.2. ANALISIS INFERENCIAL

Ha: Influye el tipo de dieta (Casero o Balanceado) en la biodiversidad del Microbioma oral canino, Huánuco 2023

Tabla 10. Prueba de normalidad a los índices de Biodiversidad

Indice de Shannon	Muestras	Indice de Simpson	Muestras
N	59	N	59
Shapiro-Wilk W	0.9216	Shapiro-Wilk W	0.8427
p(normal)	0.0009924	p(normal)	2.20E-06
Anderson-Darling A	1.426	Anderson-Darling A	3.087
p(normal)	0.0009884	p(normal)	7.67E-08
p(Monte Carlo)	0.0008	p(Monte Carlo)	0.0001
Lilliefors L	0.1305	Lilliefors L	0.2002
p(normal)	0.01383	p(normal)	0.0001
p(Monte Carlo)	0.0134	p(Monte Carlo)	0.0001
Jarque-Bera JB	4.587	Jarque-Bera JB	18.25
p(normal)	0.1009	p(normal)	0.000109
p(Monte Carlo)	0.0603	p(Monte Carlo)	0.0052

Interpretación:

Los índices de Shannon y Simpson mostraron distribuciones no normales ($p < 0.05$ en todas las pruebas), justificando el uso de métodos no paramétricos.

Tabla 11. Prueba de Mann Whitney

Mann-Whitney test for "equal medians"	
<i>Shannon</i>	<i>Simpson</i>
N: 59	N: 59
Mean rank: 44.5	Mean rank: 15
Mann-Whitn U: 0	
z: 9.3661	p (same med.): 7.525E-21
Monte Carlo permutation:	p (same med.) 0.0001

Ambos índices muestran diferencias extremadamente significativas ($p < 0.05$) entre los grupos comparados. El valor $p = 7.525 \times 10^{-21}$ es prácticamente cero, indicando que las medianas no son iguales. El valor extremo de $U = 0$ y $z = 9.37$ reflejan una gran diferencia entre grupos.

Figura 16. Diagrama de cajas Índice de alfa

En la figura 16 se observa el diagrama de cajas donde: El grupo de perros alimentados con comida casera mostró mayor diversidad (Shannon: ~ 6.0) y menor dominancia (Simpson: 1) comparado con perros alimentados con comida balanceada (Shannon: 5.0; Simpson: ~ 0.88).

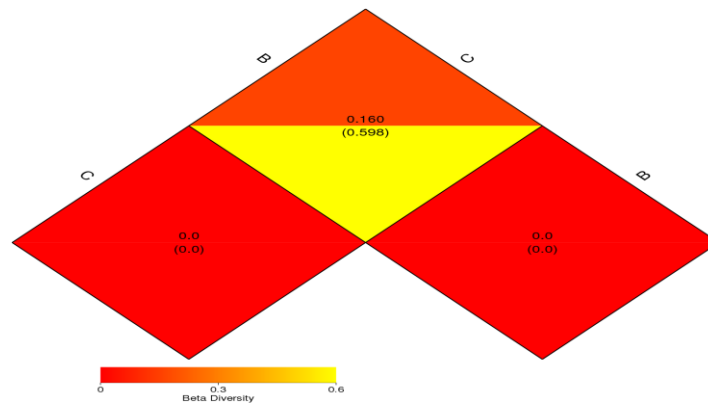


Figura 17. Diagrama Índice de Beta

En la figura 17 se representa la distancia o disimilitud promedio (que tan diferentes son) en la composición de la microbiota entre los dos grupos (comida casera vs. balanceada). Un valor de 0.160 sugiere que hay una diferencia moderada entre las comunidades microbianas de ambos grupos

Figura 18. Prueba T-test entre grupos

La Figura 18 presenta dos paneles que ilustran las diferencias en la abundancia de especies entre grupos. El panel izquierdo muestra la abundancia promedio de especies que exhiben diferencias significativas, con cada barra representando la abundancia media en cada grupo. El panel derecho muestra los intervalos de confianza para estas variaciones; el centro del círculo indica la diferencia media, el color corresponde al grupo con la media más alta, y el valor más a la derecha es el valor p para la prueba de significación.

Tabla 12. Prueba de Anosin

El valor R está comprendido entre -1 y 1. Un valor R positivo significa que la variación intergrupos se considera significativa, mientras que un valor R negativo sugiere que la variación interna de los grupos es mayor que la variación intergrupos, por lo que no hay diferencias significativas. Existe una diferencia significativa ($p = 0.001$) en la composición de la microbiota entre perros alimentados con comida casera y comida balanceada. Sin embargo, la magnitud de la diferencia es pequeña ($R = 0.18$), lo que sugiere que: Las dietas influyen en la microbiota, pero no de manera drástica. Otros factores (como la edad, raza, ambiente o genética del perro) podrían estar contribuyendo a la variabilidad.

Figura 19. Método de grupos de pares no ponderados con media aritmética (UPGMA)

La Figura 19 presenta un análisis de agrupamiento jerárquico UPGMA de la microbiota oral canina a nivel de filo, basado en las distancias de UniFrac ponderado. El análisis revela patrones de agrupamiento distintos según la dieta: los perros alimentados con comida casera (rojo) se agrupan por separado de los alimentados con una dieta balanceada (azul), como se ilustra en el agrupamiento diferencial y se respalda con el gráfico de barras apiladas que muestra la abundancia relativa a nivel de filo. Esto indica que la dieta influye significativamente en la composición de la microbiota oral a nivel de filo, siendo Firmicutes, Fusobacteriota y Actinobacteriota más abundantes en el grupo de dieta casera, mientras que Proteobacteria y Bacteroidota son más frecuentes en el grupo de dieta balanceada

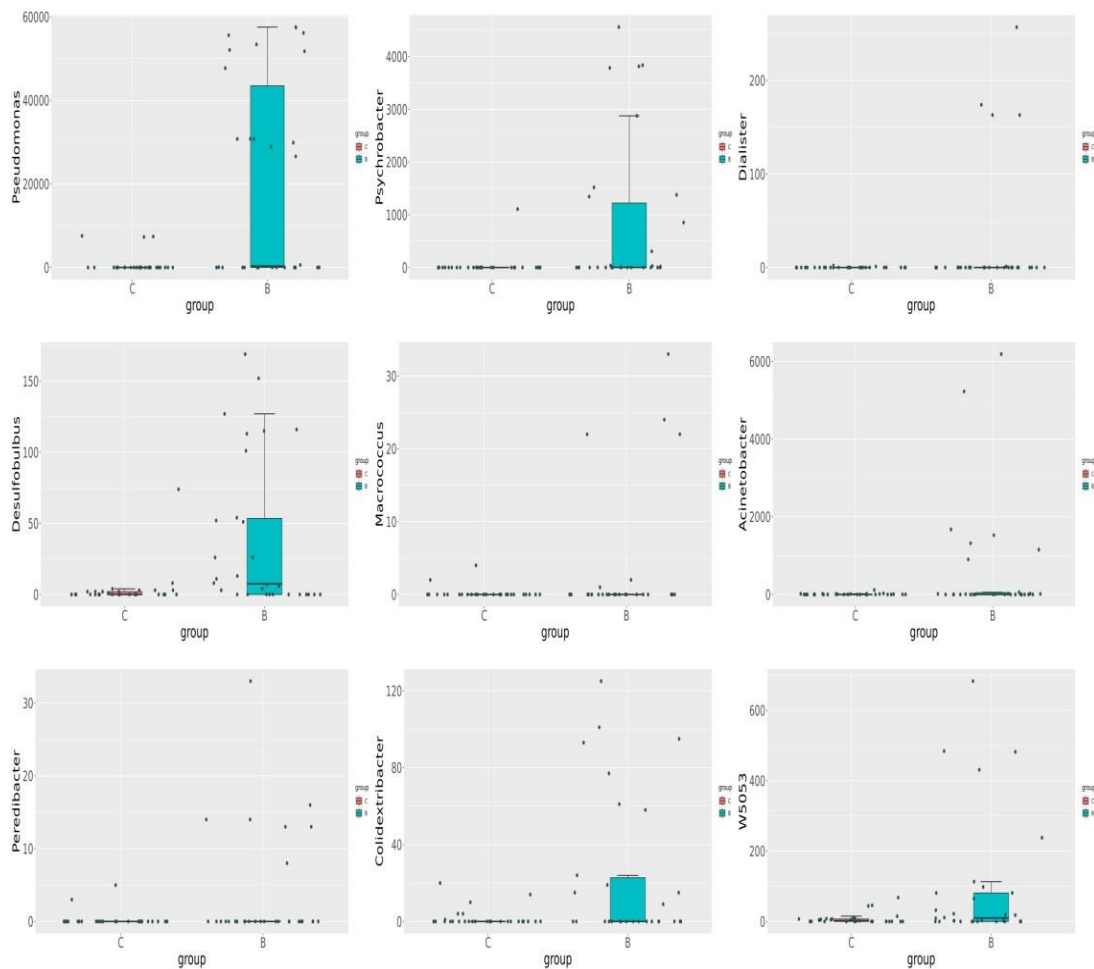


Figura 20. Análisis con MetagenomeSeq

La Figura 20 muestra la abundancia relativa de grupos bacterianos en diferentes grupos de muestras. La línea horizontal indica diferencias significativas entre dos grupos. Cada punto representa una muestra, con diagramas de caja que diferencian los grupos. Géneros como *Pseudomonas* y *Psychrobacter* exhiben una abundancia relativa notablemente mayor en el grupo de dieta balanceada (B) en comparación con el grupo de dieta casera, lo que sugiere un impacto relacionado con la dieta en la composición bacteriana en perros.

Figura 21. Histograma de puntuaciones (LDA) Análisis discriminante lineal

En la figura 21 se visualiza el histograma de las puntuaciones LDA representa las especies (biomarcadores) cuya abundancia muestra diferencias significativas entre los grupos. El criterio de selección es que las puntuaciones LDA sean superiores al umbral establecido (4 por defecto).

Figura 22. Cladograma

Interpretación: en la figura 22 se visualiza el cladograma donde los círculos que se extienden desde el interior hacia el exterior representan el rango taxonómico desde el filo hasta el género (especie). Cada círculo representa un taxón distinto en el rango taxonómico correspondiente. El diámetro de cada círculo representa proporcionalmente la abundancia relativa de cada taxón. El color amarillo representa los taxones con diferencias no significativas. Los taxones (biomarcadores) con diferencias significativas están coloreados según el color del grupo correspondiente. Los nodos rojos significan que esta microbiota contribuye mucho en el grupo cubierto por el color rojo, al igual que los nodos verdes. Las letras sobre los círculos y las especies correspondientes están anotadas a la derecha. Si falta un grupo en la figura, indica que no hay ninguna especie con diferencias significativas en ese grupo. Los nombres de las especies representadas con letras inglesas en la leyenda de la derecha.

CAPITULO V

DISCUSIÓN DE RESULTADOS

Nuestros hallazgos indican que la dieta influye significativamente en la composición y la diversidad filogenética de la microbiota oral canina. La clara agrupación observada en el dendrograma sugiere que las dietas caseras y balanceadas fomentan entornos bucales diferentes, lo que conduce a un crecimiento diferencial de grupos bacterianos específicos. El aumento de la abundancia de *Firmicutes* y *Fusobacteriota* en perros alimentados con dietas caseras puede atribuirse al mayor contenido de grasas o proteínas animales frescas en estas dietas, ya que estos filos se asocian frecuentemente con la fermentación de sustratos proteicos ⁽³⁷⁾. Por el contrario, la mayor proporción de *Proteobacteria* y *Bacteroidota* en perros que consumen alimentos comerciales podría estar relacionada con la mayor presencia de carbohidratos procesados y fibras de origen vegetal, que son ingredientes comunes en estos productos ⁽³⁸⁾. Este análisis destaca la importancia de la dieta como modulador clave de la microbiota oral canina, con posibles implicaciones para la salud bucal.

En perros alimentados con comida casera, los filos predominantes en la microbiota fueron Bacteroidota (32.50%), Proteobacteria (27.98%), Firmicutes (18.33%) y Fusobacteriota (8.60%). En contraste, en aquellos que consumieron alimento balanceado, los filos más abundantes fueron Proteobacteria (40.51%), Bacteroidota (30.01%), Firmicutes (12.93%) y Fusobacteriota (7.27%).

Estos resultados son consistentes con los hallazgos de Ruparell et al. ⁽³⁹⁾, quienes investigaron el efecto de un masticable bucal en la microbiota oral canina. En su estudio, encontraron una alta proporción de Proteobacteria (40.4%). Es importante destacar que todos los perros en ese estudio recibieron una dieta comercial balanceada complementada con alimento húmedo, lo que podría explicar la similitud en la composición bacteriana observada en los perros de nuestro estudio que consumieron dieta balanceada.

El análisis comparativo de diversidad alfa reveló variaciones significativas ($p < 0.05$) entre los regímenes dietéticos evaluados. Específicamente, la microbiota oral de perros alimentados con dieta casera exhibió valores superiores en los índices de Shannon (5.702 ± 0.116) y Simpson (0.957 ± 0.005) en comparación con aquellos que consumieron dieta balanceada (Shannon: 4.769 ± 0.147 ; Simpson: 0.889 ± 0.011). Estos resultados sugieren una mayor diversidad microbiana en el grupo alimentado con dieta casera. En concordancia con estos hallazgos, otros estudios han reportado que perros alimentados con dietas no procesadas, como las dietas BARF, presentan una mayor diversidad microbiana intestinal en comparación con aquellos que reciben dietas comerciales⁴⁸. Por ejemplo, se ha observado que las dietas crudas promueven una mayor riqueza bacteriana ($p < 0.01$) en comparación con alimentos extruidos. Si bien este último estudio se enfocó en la microbiota intestinal, apoya la idea de que el procesamiento de alimentos puede afectar significativamente la diversidad microbiana ⁽⁴⁹⁾.

La observación de diferencias estadísticamente significativas en la diversidad alfa entre perros alimentados con comida casera y aquellos alimentados con comida balanceada proporciona una base convincente para una mayor investigación. La mayor diversidad alfa observada en perros que consumen dietas caseras sugiere un ecosistema microbiano más complejo y potencialmente resiliente dentro de sus cavidades orales. Este hallazgo se alinea con la comprensión más amplia de que los componentes dietéticos pueden ejercer una profunda influencia en la composición y función de las comunidades microbianas en todo el cuerpo ⁽⁵⁰⁾. El predominio de géneros específicos como *Porphyromonas*, *Haemophilus* y *Moraxella* en perros alimentados con dietas caseras, en contraste con la prevalencia de *Pseudomonas*, *Porphyromonas* y *Fusobacterium* en perros alimentados con dietas comerciales, subraya las presiones selectivas impuestas por diferentes sustratos dietéticos en la microbiota oral. Estas variaciones a nivel de género pueden ser indicativas de distintas vías metabólicas y capacidades funcionales dentro de cada comunidad microbiana. La microbiota oral, reconocida como la segunda comunidad microbiana más abundante y diversa del cuerpo, juega un papel crucial en el mantenimiento de la salud oral y

también puede influir en la salud sistémica. Mantener una microbiota oral equilibrada es esencial para prevenir la disbiosis oral, que puede provocar afecciones como halitosis, gingivitis o periodontitis ⁽⁵¹⁾.

Influencia de la dieta en la composición microbiana

Nuestros hallazgos demuestran que la dieta ejerce una presión selectiva sobre la microbiota oral, influyendo en la abundancia de especies bacterianas específicas. En los perros que consumían dietas comercialmente equilibradas (balanceadas), las especies de *Pseudomonas yamanorum* y *Pseudomonas veronii* predominaron notablemente. Esto contrasta con los perros alimentados con dietas caseras, en los que *Porphyromonas cangingivalis*, *Porphyromonas gingivicanis* y *Porphyromonas canoris* fueron más abundantes. Estos resultados concuerdan con la idea de que los componentes de la dieta pueden influir profundamente en la composición de las comunidades microbianas ^(7,8). Es probable que los distintos sustratos dietéticos favorezcan el crecimiento y la proliferación de grupos bacterianos específicos, dando lugar a las variaciones observadas. La cavidad oral en perros está densamente colonizada por bacterias que coevolucionaron con su huésped ⁽⁵²⁾.

El análisis del mapa de calor puso aún más de relieve la abundancia diferencial de especies bacterianas en función de la dieta. Los perros alimentados con dietas balanceadas mostraron una sobreabundancia significativa (hasta 6 veces mayor) de la bacteria Porphyromonadaceae (54B), *Bergeyella zoohelcum* (51B), *Escherichia coli* y *Rothia endophytica* (40B). Por el contrario, los perros alimentados con dietas caseras no mostraron una sobreabundancia similar de estas especies. Esto sugiere que las dietas balanceadas pueden promover la proliferación de estos grupos bacterianos particulares, potencialmente debido a ingredientes específicos.

Con respecto al Análisis de diversidad alfa y beta de la diversidad.

El análisis de la diversidad alfa reveló una tendencia hacia una mayor diversidad y una menor dominancia en la microbiota oral de los perros alimentados con dietas caseras en comparación con los alimentados con

dietas balanceadas. Específicamente, los perros que consumían dietas caseras exhibieron un índice de Shannon que promediaba 6.0 y un índice de Simpson de 1, mientras que los perros alimentados con dietas equilibradas comercialmente mostraron un índice de Shannon de aproximadamente 5.0 y un índice de Simpson de aproximadamente 0.88. Si bien estas diferencias sugieren un ecosistema microbiano potencialmente más complejo y resistente en las cavidades orales de los perros con dietas caseras, es importante reconocer que los índices de diversidad proporcionan solo una instantánea de la estructura de la comunidad y no capturan completamente la dinámica funcional. El índice de Shannon más alto indica una mayor riqueza y uniformidad de especies, mientras que un índice de Simpson más cercano a 1 sugiere una distribución más equitativa de especies dentro de la comunidad ⁽⁶⁾.

El análisis de la diversidad beta indicó un grado moderado de disimilitud en la composición microbiana entre los dos grupos dietéticos, con una disimilitud promedio de 0.160. Este valor sugiere que, si bien existe una superposición en las comunidades microbianas de los perros alimentados con ambas dietas, también existen diferencias claras que contribuyen a la separación general de los grupos. La dieta es un impulsor bien establecido del microbioma intestinal, y el microbioma juega un papel sustancial en la salud general ⁽⁴⁶⁾. Por lo tanto, estos cambios en la composición microbiana oral relacionados con la dieta justifican una mayor investigación para dilucidar sus posibles consecuencias funcionales e implicaciones para la salud oral y sistémica canina.

Posibles Causas de Resultados No Esperados

Estabilidad del Microbioma: Algunos estudios han encontrado una alta estabilidad en la composición microbiana oral canina a pesar del cambio de dieta, lo cual podría deberse a un núcleo de bacterias que colonizan la cavidad oral, independiente de factores externos a corto plazo. ⁽⁵⁴⁾

Factores No Controlados: Variables como edad, genética, estado de salud oral, ambiente y uso previo de medicamentos pueden influenciar los resultados y enmascarar efectos dietéticos esperados. ^{(36) (39)}

Duración del Estudio: Periodos cortos de intervención no siempre permiten observar la plasticidad total del microbioma ante nuevos estímulos dietéticos. ⁽⁹⁾

Implicancias para la Salud Pública y Medicina Veterinaria

Salud Oral y Sistémica: Mantener una microbiota oral equilibrada es clave para prevenir patologías como periodontitis, halitosis y otras condiciones asociadas a la disbiosis oral; además, la literatura recalca la relación entre disbiosis oral y riesgo de enfermedades sistémicas en humanos y animales, incluyendo alteraciones metabólicas y enfermedades cardiovasculares. ⁽⁵⁵⁾

En este contexto, resulta especialmente relevante preservar la salud oral de las mascotas. En el presente estudio, se observó que todos los individuos evaluados estaban clínicamente sanos y presentaban una alta diversidad microbiana en la cavidad oral, lo cual puede considerarse un indicativo de equilibrio y estabilidad en su microbiota oral, asociado a un buen estado general de salud.

Resistencia Microbiana y Zoonosis: Las variaciones en la microbiota oral pueden facilitar la aparición de bacterias oportunistas o resistentes, con posibles consecuencias en la transmisión de zoonosis y la salud pública, dada la convivencia cercana entre humanos y perros. ⁽⁵⁶⁾

La investigación, si bien no se realizó una caracterización exhaustiva de los microorganismos presentes ni se evaluó directamente su potencial zoonótico, sí se evidenció que el género *Pseudomonas* fue el predominante en la microbiota oral de los perros alimentados con comida balanceada. Este hallazgo es relevante, ya que bacterias de este género son reconocidas por su capacidad para desarrollar resistencia antimicrobiana y por estar asociadas a infecciones tanto en animales como en humanos.

Estrategias Nutricionales Individualizadas: Los resultados subrayan la necesidad de orientar las recomendaciones nutricionales considerando su impacto en la microbiota como modulador de la salud integral del animal y del entorno familiar.

Prevención y Terapéutica: Una mejor comprensión de cómo la dieta modula la microbiota oral podría conducir a prácticas de prevención, manejo y tratamiento de enfermedades orales, tanto mediante alimentación funcional como con intervenciones como prebióticos y probióticos específicos para perros. ⁽⁵⁷⁾

En este estudio, se observó que una dieta casera favorece una mayor diversidad microbiana en la cavidad oral de los perros, resultado que suele asociarse con una mayor estabilidad y resiliencia frente a patógenos y condiciones adversas. Este hallazgo refuerza la importancia de considerar el tipo de alimento en las estrategias de promoción de la salud oral. No obstante, el papel del alimento balanceado comercial en la salud oral de las mascotas en el Perú permanece abierto al debate. Si bien los alimentos balanceados están diseñados para cumplir con los requerimientos nutricionales generales, su impacto específico sobre la microbiota oral y su comparativa con dietas caseras aún requieren estudios adicionales. Es fundamental continuar investigando cómo diferentes formatos y composiciones alimenticias pueden modular la microbiota, de cara a diseñar recomendaciones personalizadas y efectivas orientadas al bienestar integral de los animales de compañía y su entorno familiar.

CONCLUSIONES

Este estudio aporta pruebas convincentes de que el tipo de dieta influye significativamente en la composición y diversidad del microbioma oral canino.

Los perros alimentados con dietas caseras mostraron una microbiota oral más diversa, caracterizada por una mayor abundancia de especies de *Porphyromonas*, mientras que los perros alimentados con dietas comercialmente equilibradas mostraron un predominio de especies de *Pseudomonas* y una sobreexpresión de grupos bacterianos específicos como la bacteria *Porphyromonadaceae*, *Bergeyella zoohelcum*, *Escherichia coli* y *Rothia endophytica*. Estas diferencias impulsadas por la dieta en la composición microbiana, puestas de manifiesto tanto por el análisis de abundancia de especies como por la métrica de diversidad alfa y el análisis de diversidad beta, sugieren que la dieta es un factor clave que da forma al ecosistema microbiano oral de los perros.

La mayor diversidad alfa observada en los perros que consumen dietas caseras puede indicar una comunidad microbiana más resistente y potencialmente beneficiosa. Dado el papel fundamental de la microbiota oral en el mantenimiento de la salud oral y su posible influencia en la salud sistémica, estos hallazgos subrayan la importancia de tener en cuenta las opciones dietéticas en la gestión de la salud oral canina.

De los objetivos se concluye:

La dieta influye significativamente en la composición y diversidad del microbioma oral canino. Los resultados muestran que el tipo de dieta (casera vs. balanceada) modifica tanto la abundancia relativa de géneros bacterianos específicos como la diversidad microbiana en la cavidad oral de los perros.

Diferencias marcadas según el tipo de dieta: Los perros alimentados con dieta balanceada presentan una mayor abundancia relativa de bacterias del género *Pseudomonas*. Los perros con dieta casera destacan por una mayor presencia de especies del género *Porphyromonas* (incluyendo *P. cangingivalis*, *P. gingivicanis* y *P. canoris*).

Diversidad bacteriana: Los índices de Shannon y Simpson confirmaron diferencias altamente significativas ($p < 0,05$) entre los grupos, indicando que el tipo de dieta impacta de manera marcada la biodiversidad de la microbiota oral.

Otros factores influyen en la variabilidad: Aunque la dieta tuvo un efecto significativo, la Prueba de Anosin ($R = 0,18$) señala que factores adicionales como edad, raza, ambiente o genética también contribuyen de manera importante a la variación observada en la microbiota oral de los perros.

Implicancias para la salud oral: Estos hallazgos subrayan la importancia de considerar el tipo de dieta como un factor relevante en la promoción y el mantenimiento de la salud oral canina, aunque se reconoce que su impacto no es exclusivo ni totalmente dominante frente a otros determinantes biológicos y ambientales.

Necesidad de investigaciones futuras: Se recomienda profundizar en la investigación sobre las consecuencias funcionales de los cambios microbianos asociados a la dieta, y definir estrategias nutricionales óptimas para favorecer un microbioma oral saludable en los perros. También es esencial evaluar la interacción de la dieta con otros factores para una visión más integral de la salud oral canina.

RECOMENDACIONES

Implementar monitoreo regular de la salud oral en clínicas veterinarias: Se recomienda a los veterinarios incorporar evaluaciones periódicas no solo del estado clínico oral sino también del perfil microbiano en perros con diferentes tipos de dieta. Esto permitirá identificar de manera temprana posibles alteraciones en la microbiota asociadas a la dieta e intervenir oportunamente para prevenir enfermedades orales.

Desarrollar programas de educación nutricional para tutores de mascotas: Elaborar materiales y talleres informativos sobre la relación entre el tipo de dieta y la salud oral canina, fomentando elecciones alimentarias informadas y personalizadas según las necesidades de cada animal. Estos programas pueden ser implementados en clínicas veterinarias y campañas de salud que las municipalidades puedan organizar.

Fomentar la investigación de formulaciones alimenticias específicas que promuevan una microbiota oral saludable: Promover el diseño y evaluación de dietas comerciales con énfasis en el perfil de macronutrientes, micronutrientes y su impacto demostrado en la diversidad y composición microbiana oral. Las empresas alimentarias pueden colaborar con centros de investigación para desarrollar productos basados en evidencia científica.

Establecer lineamientos oficiales sobre alimentación y salud oral en mascotas: Instar a entidades regulatorias y de salud animal a crear guías que refuercen la importancia de la dieta sobre la salud oral, promoviendo el uso responsable de ingredientes y aditivos que favorezcan la homeostasis microbiana y prevengan la disbiosis.

Ampliar la vigilancia e investigación sobre el vínculo dieta-microbiota-enfermedad: Incentivar estudios colaborativos a gran escala que incluyan animales con y sin patologías orales conocidas, utilizando análisis avanzados (por ejemplo, secuenciación metagenómica y metabolómica) para mapear asociaciones específicas y fundamentar futuras estrategias de prevención y tratamiento.

Potenciar la formación y actualización de los profesionales en salud veterinaria: Incluir módulos de microbiota oral y nutrición en los programas de educación continua para veterinarios, promoviendo una visión integral y basada en la evidencia para la toma de decisiones clínicas.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Molecular detection of feline and canine periodontal pathogens | Elsevier Enhanced Reader [Internet]. [citado 10 de mayo de 2023]. Disponible en: <https://reader.elsevier.com/reader/sd/pii/S2451943X19301206?token=C CDCB1C0A164071D2576CCFA3AF13511D75E8E8820421FD85C3603 558A3E002797852E1AEE740F163B176E7C971B67AE&originRegion=us-east-1&originCreation=20230510235804>
2. Molecular detection of feline and canine periodontal pathogens | Elsevier Enhanced Reader [Internet]. [citado 10 de mayo de 2023]. Disponible en: <https://reader.elsevier.com/reader/sd/pii/S2451943X19301206?token=C CDCB1C0A164071D2576CCFA3AF13511D75E8E8820421FD85C3603 558A3E002797852E1AEE740F163B176E7C971B67AE&originRegion=us-east-1&originCreation=20230510235804>
3. Molecular detection of feline and canine periodontal pathogens | Elsevier Enhanced Reader [Internet]. [citado 10 de mayo de 2023]. Disponible en: <https://reader.elsevier.com/reader/sd/pii/S2451943X19301206?token=C CDCB1C0A164071D2576CCFA3AF13511D75E8E8820421FD85C3603 558A3E002797852E1AEE740F163B176E7C971B67AE&originRegion=us-east-1&originCreation=20230510235804>
4. Griego RD, Rosen T, Orengo IF, Wolf JE. Dog, cat, and human bites: A review. *Journal of the American Academy of Dermatology*. 1 de diciembre de 1995;33(6):1019-29.
5. Acerca de los CDC 24-7 [Internet]. Centers for Disease Control and Prevention. 2023 [citado 11 de mayo de 2023]. Disponible en: <https://www.cdc.gov/spanish/index.html>
6. Niemiec BA, Gawor J, Tang S, Prem A, Krumbeck JA. The bacteriome of the oral cavity in healthy dogs and dogs with periodontal disease. *Am J Vet Res*. 1 de noviembre de 2021;83(1):50-8.
7. Templeton GB, Fefer G, Case BC, Roach J, Azcarate-Peril MA, Gruen ME, et al. Longitudinal Analysis of Canine Oral Microbiome Using Whole

- Genome Sequencing in Aging Companion Dogs. *Animals*. enero de 2023;13(24):3846.
8. Portilho FVR, Nóbrega J, de Almeida BO, Mota AR, de Paula CL, Listoni FJP, et al. Microbial Complexity of Oral Cavity of Healthy Dogs Identified by Mass Spectrometry and Next-Generation Sequencing. *Animals*. enero de 2023;13(15):2467.
 9. Oba PM, Carroll MQ, Alexander C, Somrak AJ, Keating SCJ, Sage AM, et al. Dental chews positively shift the oral microbiota of adult dogs. *Journal of Animal Science*. 1 de julio de 2021;99(7):skab100.
 10. Zheng HH, Du CT, Yu C, Tang XY, Huang RL, Zhang YZ, et al. The Relationship of Tumor Microbiome and Oral Bacteria and Intestinal Dysbiosis in Canine Mammary Tumor. *International Journal of Molecular Sciences*. enero de 2022;23(18):10928.
 11. Oba PM, Sieja KM, Keating SCJ, Hristova T, Somrak AJ, Swanson KS. Oral microbiota populations of adult dogs consuming wet or dry foods. *J Anim Sci*. 1 de agosto de 2022;100(8): skac200.
 12. Rostaher A, Morsy Y, Favrot C, Unterer S, Schnyder M, Scharl M, et al. Comparison of the Gut Microbiome between Atopic and Healthy Dogs—Preliminary Data. *Animals*. enero de 2022;12(18):2377.
 13. Zatán AE, Castillo D, Castañeda AE, Feria MA, Toledo OE, Aguilar JL, et al. Caracterización de la microbiota intestinal en robalo (*Centropomus* sp) y aislamiento de bacterias probióticas potenciales. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú* [Internet]. julio de 2020 [citado 9 de julio de 2025];31(3). Disponible en: http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S1609-91172020000300006&lng=es&nrm=iso&tlng=es.
 14. Pacherras Nieto RA. Evaluación de resistencia antimicrobiana de enterobacterias en *Chelonoidis denticulata* criados en cautiverio en el Patronato Parque de Las Leyendas, Lima - Perú. 2025 [citado 9 de julio de 2025]; Disponible en: <https://repositorio.upch.edu.pe/handle/20.500.12866/16717>

15. Rubio S, Pacheco-Orozco RA, Gómez AM, Perdomo S, García-Robles R. Secuenciación de nueva generación (NGS) de ADN: presente y futuro en la práctica clínica: Presente y futuro en la práctica clínica. *Universitas Medica* [Internet]. 2 de abril de 2020 [citado 11 de mayo de 2023];61(2). Disponible en: <https://revistas.javeriana.edu.co/index.php/vnimedica/article/view/27461>
16. Rodicio M del R, Mendoza M del C. Identificación bacteriana mediante secuenciación del ARNr 16S: fundamento, metodología y aplicaciones en microbiología clínica. *Enferm Infecc Microbiol Clin*. 1 de abril de 2004;22(4):238-45.
17. Gu W, Miller S, Chiu CY. Clinical Metagenomic Next-Generation Sequencing for Pathogen Detection. *Annual Review of Pathology: Mechanisms of Disease*. 2019;14(1):319-38.
18. Paul B, Dixit G, Murali TS, Satyamoorthy K. Genome-based taxonomic classification. *Genome*. febrero de 2019;62(2):45-52.
19. Abyntek. Extracción de ADN a partir de saliva [Internet]. Abyntek Biopharma. 2016 [citado 11 de mayo de 2023]. Disponible en: <https://www.abynetek.com/extraccion-de-adn-a-partir-de-saliva/>
20. Abyntek. Extracción de ADN a partir de saliva [Internet]. Abyntek Biopharma. 2016 [citado 11 de mayo de 2023]. Disponible en: <https://www.abynetek.com/extraccion-de-adn-a-partir-de-saliva/>
21. Martínez-Martínez L, Valdivia-Flores AG, Guerrero-Barrera AL, Quezada-Tristán T, Rangel-Muñoz EJ, Ortiz-Martínez R. Toxic Effect of Aflatoxins in Dogs Fed Contaminated Commercial Dry Feed: A Review. *Toxins (Basel)*. 15 de enero de 2021;13(1):65.
22. Food UP. Ingredients in Pet Food [Internet]. [citado 18 de mayo de 2023]. Disponible en: <https://www.ukpetfood.org/information-centre/industry-guidance/ingredients.html>
23. Hiney K, Sypniewski L, Rudra P, Pezeshki A, McFarlane D. Clinical health markers in dogs fed raw meat-based or commercial extruded kibble diets. *J Anim Sci*. 3 de mayo de 2021;99(6):skab133.

24. Algya KM, Cross TWL, Leuck KN, Kastner ME, Baba T, Lye L, et al. Apparent total-tract macronutrient digestibility, serum chemistry, urinalysis, and fecal characteristics, metabolites and microbiota of adult dogs fed extruded, mildly cooked, and raw diets¹. *J Anim Sci.* septiembre de 2018;96(9):3670-83.
25. Runesvård E, Wikström C, Fernström LL, Hansson I. Presence of pathogenic bacteria in faeces from dogs fed raw meat-based diets or dry kibble. *Vet Rec.* 31 de octubre de 2020;187(9):e71.
26. Zafalon RVA, Risolia LW, Vendramini THA, Ayres Rodrigues RB, Pedrinelli V, Teixeira FA, et al. Nutritional inadequacies in commercial vegan foods for dogs and cats. *PLoS One.* 17 de enero de 2020;15(1):e0227046.
27. Cramer KR, Greenwood MW, Moritz JS, Beyer RS, Parsons CM. Protein quality of various raw and rendered by-product meals commonly incorporated into companion animal diets. *J Anim Sci.* diciembre de 2007;85(12):3285-93.
28. Cepas V, Collino M, Mayo JC, Sainz RM. Redox Signaling and Advanced Glycation Endproducts (AGEs) in Diet-Related Diseases. *Antioxidants (Basel).* 6 de febrero de 2020;9(2):142.
29. Corrales MSc LC, Antolinez-Romero DM, Bohórquez-Macías JA, Corredor-Vargas AM, Corrales MSc LC, Antolinez-Romero DM, et al. Identificación de microbiota bucal en caninos en estado de abandono. *Nova.* diciembre de 2019;17(32):39-64.
30. Cortés-López NG, Ordóñez-Baquera PL, Domínguez-Viveros J. Herramientas moleculares utilizadas para el análisis metagenómico. Revisión. *Revista mexicana de ciencias pecuarias.* diciembre de 2020;11(4):1150-73.
31. Qué es - Vitalia [Internet]. [citado 18 de mayo de 2023]. Disponible en: <https://vitalia.es/bibliosalud/nutricion/que-es>

32. Bezerra, D., Araujo, H., & Alves, R. (2012). Captura de aves silvestres no semiárido brasileiro: técnicas cinegéticas e implicações para conservação. *Tropical Conservation Science*, 5(1), 50-66.
33. Hernández Sampieri, R., Fernández Collado, C., & Baptista Lucio, P. (2018). *Metodología de la investigación* (7a. ed. --.). México D.F.: McGraw-Hill.
34. Hamui-Sutton, A. (2013). Un acercamiento a los métodos mixtos de investigación en educación médica. *Investigación en Educación Médica*, 2(8), 211-216. [https://doi.org/10.1016/s2007-5057\(13\)72714-5](https://doi.org/10.1016/s2007-5057(13)72714-5)
35. G, M. (2015). Acceso a la ficha clínica con fines de investigación biomédica. *Revista Chilena De Enfermedades Respiratorias*, 31(4), 212-216. <https://doi.org/10.4067/s0717-73482015000400006>
36. Huttenhower, C., Gevers, D., Knight, R., Abubucker, S., Badger, J., Chinwalla, A., ... & White, O. (2012). Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*, 486(7402), 207-214. <https://doi.org/10.1038/nature11234>
37. Sandri M, Dal Monego S, Conte G, Sgorlon S, Stefanon B. Raw meat based diet influences faecal microbiome and end products of fermentation in healthy dogs. *BMC Veterinary Research*. 28 de febrero de 2017;13(1):65.
38. Schmidt M, Unterer S, Suchodolski JS, Honneffer JB, Guard BC, Lidbury JA, et al. The fecal microbiome and metabolome differs between dogs fed Bones and Raw Food (BARF) diets and dogs fed commercial diets. *PLOS ONE*. 15 de agosto de 2018;13(8):e0201279.
39. Ruparell A, Warren M, Staunton R, Deusch O, Dobenecker B, Wallis C, et al. Effect of feeding a daily oral care chew on the composition of plaque microbiota in dogs. *Research in Veterinary Science*. 1 de octubre de 2020;132:133-41.
40. Castañeda S, Ariza G, Rincón-Riveros A, Muñoz M, Ramírez JD. Cambios inducidos por la dieta en la composición y diversidad de la microbiota fecal en perros (*Canis lupus familiaris*): un estudio comparativo de dietas tipo

BARF y comerciales. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*. 1 de julio de 2023;98:102007.

41. Nobbs A, Kreth J. Genetics of sanguinis-Group Streptococci in Health and Disease. *Microbiology Spectrum*. 25 de enero de 2019;7(1):10.1128/microbiolspec.gpp3-0052-2018.
42. Yarahmadi A, Afkhami H, Javadi A, Kashfi M. Understanding the complex function of gut microbiota: its impact on the pathogenesis of obesity and beyond: a comprehensive review. *Diabetology & Metabolic Syndrome*. 23 de diciembre de 2024;16(1):308.
43. Matsui M, Fukunishi S, Nakano T, Ueno T, Higuchi K, Asai A. Ileal Bile Acid Transporter Inhibitor Improves Hepatic Steatosis by Ameliorating Gut Microbiota Dysbiosis in NAFLD Model Mice. *mBio*. 6 de julio de 2021;12(4):10.1128/mbio.01155-21.
44. Bhandi S, Di Nardo D, Passariello C. Harnessing the Power of Biologic Agents on the Oral Microbiota: A Way to Promote Oral and Systemic Health? *The Journal of Contemporary Dental Practice*. 8 de enero de 2021;21(10):1073-4.
45. Gönczi NN, Strang O, Bagi Z, Rákhely G, Kovács KL. Interactions between probiotic and oral pathogenic strains. *BIOLOGIA FUTURA*. 1 de diciembre de 2021;72(4):461-71.
46. Hiney K, Sypniewski L, DeSilva U, Pezeshki A, Rudra P, Goodarzi P, et al. Fecal microbiota composition, serum metabolomics, and markers of inflammation in dogs fed a raw meat-based diet compared to those on a kibble diet. *Front Vet Sci* [Internet]. 17 de abril de 2024 [citado 21 de mayo de 2025];11. Disponible en: <https://www.frontiersin.org/journals/veterinary-science/articles/10.3389/fvets.2024.1328513/full>
47. Portilho FVR, Nóbrega J, de Almeida BO, Mota AR, de Paula CL, Listoni FJP, et al. Microbial Complexity of Oral Cavity of Healthy Dogs Identified by Mass Spectrometry and Next-Generation Sequencing. *Animals*. enero de 2023;13(15):2467.

48. Leverett K, Manjarín R, Laird E, Valtierra D, Santiago-Rodriguez TM, Donadelli R, et al. Fresh Food Consumption Increases Microbiome Diversity and Promotes Changes in Bacteria Composition on the Skin of Pet Dogs Compared to Dry Foods. *Animals*. enero de 2022;12(15):1881.
49. Xu J, Becker AAMJ, Luo Y, Zhang W, Ge B, Leng C, et al. The Fecal Microbiota of Dogs Switching to a Raw Diet Only Partially Converges to That of Wolves. *Front Microbiol* [Internet]. 29 de septiembre de 2021 [citado 13 de junio de 2025];12. Disponible en: <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2021.701439/full>
50. Balouei F, Stefanon B, Sgorlon S, Sandri M. Factors Affecting Gut Microbiota of Puppies from Birth to Weaning. *Animals*. enero de 2023;13(4):578.
51. Oba PM, Carroll MQ, Alexander C, Valentine H, Somrak AJ, Keating SCJ, et al. Microbiota populations in supragingival plaque, subgingival plaque, and saliva habitats of adult dogs. *Animal Microbiome*. 17 de mayo de 2021;3(1):38.
52. El bacterioma de la cavidad oral en perros sanos y perros con enfermedad periodontal en: *American Journal of Veterinary Research Volumen 83 Número 1 (2022)* [Internet]. [citado 13 de junio de 2025]. Disponible en: <https://avmajournals.avma.org/view/journals/ajvr/83/1/ajvr.21.02.0027.xml>
|
53. Mardis ER. DNA sequencing technologies: 2006-2016. *Nat Protoc*. febrero de 2017;12(2):213-8.
54. Bell SE, Nash AK, Zanghi BM, Otto CM, Perry EB. An Assessment of the Stability of the Canine Oral Microbiota After Probiotic Administration in Healthy Dogs Over Time. *Front Vet Sci*. 11 de septiembre de 2020;7:616.
55. Santibáñez R, Rodríguez-Salas C, Flores-Yáñez C, Garrido D, Thomson P. Assessment of Changes in the Oral Microbiome That Occur in Dogs with Periodontal Disease. *Vet Sci*. 27 de noviembre de 2021;8(12):291.

56. Traviss M. Dogs identified as spreaders of antimicrobial-resistant Salmonella [Internet]. Innovation News Network. 2025 [citado 20 de julio de 2025]. Disponible en: <https://www.innovationnewsnetwork.com/dogs-identified-as-spreaders-of-antimicrobial-resistant-salmonella/54476/>
57. Seaweed For Dogs [Internet]. [citado 20 de julio de 2025]. A Dog's Oral Microbiome. Disponible en: <https://seaweedfordogs.com/pages/the-dog-s-oral-microbiome-the-hidden-ecosystem-that-shapes-canine-health>

COMO CITAR ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN

Cámara F. Análisis comparativo del microbioma oral canino en mascotas alimentadas con dos tipos de dieta. Huánuco, 2023 [Internet] Huánuco: Universidad de Huánuco; 2025 [Consultado]. Disponible en: <http://...>

ANEXOS

ANEXO 1

MATRIZ DE CONSISTENCIA

MATRIZ DE CONSISTENCIA					
Problema	Objetivos	Hipótesis	Variables	Metodología	Población
FORMULACIÓN DE PROBLEMA:	OBJETIVO GENERAL	HIPOTESIS GENERAL	Variable independiente	Tipo de investigación	Población
PROBLEMA GENERAL ¿Cuáles son las diferencias existentes en el microbioma oral canino de mascotas alimentadas con dos tipos de dieta en Huánuco, 2023?	Identificar las diferencias existentes del microbioma oral canino en mascotas alimentados con dos tipos de dieta; Huánuco 2023	Ha: Influye el tipo de dieta (Casero o Balanceado) en la biodiversidad del Microbioma oral canino, Huánuco 2023	Tipo de dieta.	En base al tiempo en que se obtienen los datos y se analizan; nuestro estudio será prospectivo, sin intervención de carácter cuantitativo.	La población de estudio de esta investigación lo constituye los canes que se atienden en la clínica 4 patas
PROBLEMA ESPECÍFICO 1. ¿Cuál es la abundancia de los taxones microbianos identificados en el análisis de la fracción 16S de las mascotas	OBJETIVO ESPECIFICO 1. Determinar la abundancia relativa de los taxones microbianos identificados mediante análisis de la fracción 16S en las mascotas alimentadas con dos tipos diferentes de dieta	H0: No Influye el tipo de dieta (Casero o Balanceado) en la biodiversidad del Microbioma oral canino, Huánuco 2023	Variable dependiente Diversidad del Microbioma oral (Índices de Shannon, Simpson, Abundancia relativa)	Enfoque Presenta un enfoque cuantitativo ya que los objetivos de la investigación solo se lograrán analizando datos numéricos que obtendremos según la	Muestra La muestra será no probabilística del tipo discrecional donde se seleccionarán 60 perros de los cuales se considerará 30 de ellos que se alimentan con comida

alimentadas con dos tipos de dieta?	2. Evaluar la diversidad alfa, el número de Unidades Taxonómicas Operacionales (OTU) y la diversidad beta de especies presentes en las mascotas alimentadas con dos tipos de dieta.	calificación de casera y los otros 30 nuestras encuestas.
2. ¿Cuál es la diversidad alfa, OTU y beta de especies identificadas en las mascotas alimentadas con dos tipos de dieta?	3. Analizar la relación entre las características clínicas de los canes y los cambios observados en el microbioma oral de las mascotas alimentadas con dos tipos de dieta..	Nivel de investigación El nivel de investigación es relacional ya que tendrá un análisis estadístico bivariado, las hipótesis en este nivel de investigación son empíricas ya que nace de la subjetividad del investigador y carece de fundamento.
3. ¿Qué características clínicas de los canes en evaluación se relacionan con algún cambio en el microbioma oral de las mascotas alimentadas con dos tipos de dieta?		Recolección de datos Tendrá las siguientes etapas en evaluación: • Recolección de datos • Etapa preliminar • Análisis de datos • Etapa de trabajo de campo • Etapa final

ANEXO 2

DECLARACIÓN DE COMPROMISO CON LOS PRINCIPIOS ÉTICOS DE LA INVESTIGACIÓN

Yo, FRANK ERICK CAMARA LLANOS, *Docente Del* P.A. de Ingeniería Ambiental de la UDH, con DNI N° 44287920, presento la propuesta de investigación denominada:

“FACTORES ASOCIADOS A LA DETECCIÓN MOLECULAR DE PATOGENOS EN CAVIDAD ORAL DE PERROS ALIMENTADOS A BASE DE 2 TIPOS DE DIETAS; HUANUCO - 2023” al IX convocatoria de concurso de proyectos de investigación docente UDH periodo 2022 – II y declaro expresamente:

(Marque con una X solo una de las siguientes alternativas)

X	Que mi/nuestra investigación SÍ requiere de la participación de seres humanos, animales o ecosistemas, (pudiendo tratarse inclusive de embriones, fetos, células, fluidos, partes del cuerpo, cadáveres). Son parte de estas investigaciones los estudios que requieren la aplicación de encuestas, cuestionarios, pruebas (psicológicas, clínicas, médicas), entrevistas, grupos focales, observación natural y observación participante, uso de material fotográfico o grabaciones en audio y video, validación de tecnologías (clínicas, ambientales, de construcción, etc.).
	Que mi/nuestra investigación NO requiere de la participación de seres humanos, animales o ecosistemas (pudiendo tratarse inclusive de embriones, fetos, células, fluidos, partes del cuerpo, cadáveres); ni comprende ninguno de los instrumentos o técnicas de recolección de información ejemplificados en el párrafo anterior.

Al marcar la opción **SÍ**, me estoy comprometiendo a respetar los principios éticos que una investigación exige y que se encuentran en el Reglamento del Comité de Ética. Por esto me comprometo a explicar la manera en que los desarrollaré en mi investigación.

Los cuatro principios éticos sobre los que he construido mi propuesta de investigación son los siguientes:

- Respeto a las personas. (x)
- Justicia. (x)
- Autonomía (x)
- Responsabilidad. (x)

Por ello asumiré con responsabilidad lo señalado por el Reglamento del Comité de Ética:

- Respetaré la autonomía de las personas que participen en mi investigación

haciendo uso del consentimiento informado.

- Respetaré el derecho a la confidencialidad y privacidad, protegiendo la información brindada por los participantes de mi estudio.
- No causaré daño a las personas y/o animales involucrados en mi estudio.
- Tomaré las precauciones necesarias para disminuir los riesgos a los que podrían estar expuestos mis participantes durante mi investigación, y maximizaré los beneficios.
- Trataré de manera justa y equitativa a las personas que participen de los procesos, procedimientos y servicios asociados a la investigación.
- Declaro no tener participación efectiva o potencial en una relación financiera o de otro tipo, que afecte directa y significativamente, o que pudiera afectar mi juicio independiente e imparcial en mi deber para con la universidad.

Además, al momento de registrar mi propuesta en el VRI, desarrollaré las medidas consideradas indispensables para cumplir con estos principios en el apartado sobre componente ético.

Firmo la presente declaración en señal de aceptación.

Huánuco, 3 de mayo 2023

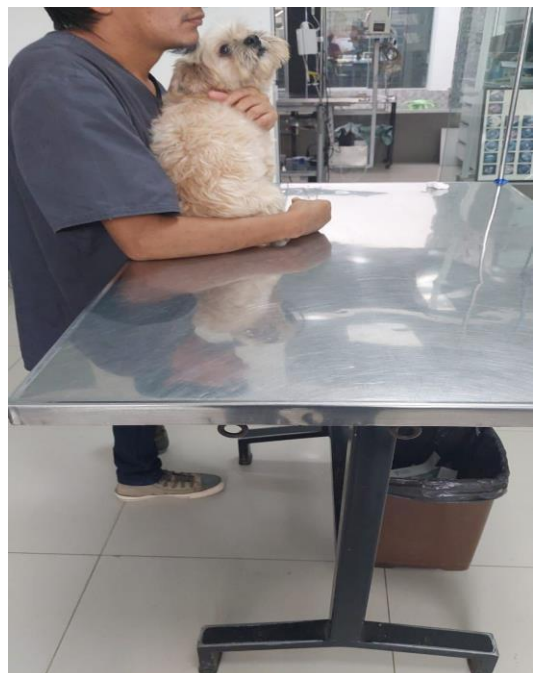


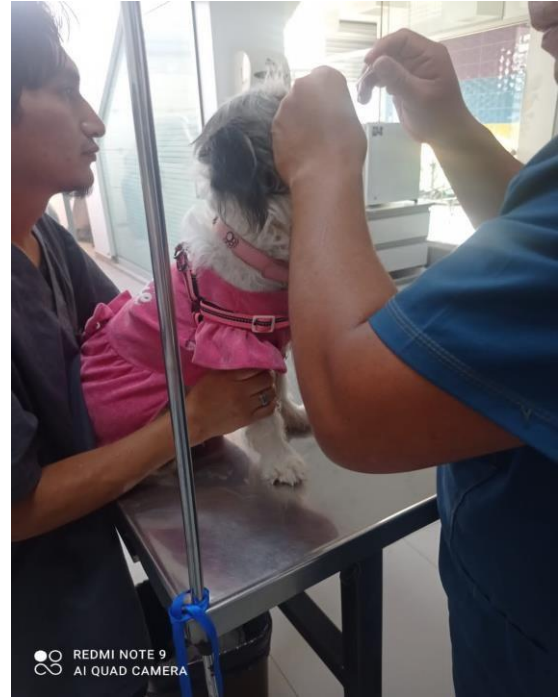
Mg. Frank E. Cámara Llanos
MÉDICO VETERINARIO
CMV. 7188

FIRMA

ANEXO 3

PANEL FOTOGRÁFICO





ANEXO 4

BASE DE DATOS DE HISTORIAL CLÍNICO PERROS ALIMENTADOS CON BALANCEADO

CONSOLIDADO DE ANALISIS LABORATORIO - Excel

Buscar

Frank Camara LLanos

ArchivoInicioInsertarDisposición de páginaFórmulasDatosRevisarVistaAyudaAcrobat

Cortar

Copiar

Copiar formato

Calibri

11

A⁺

A⁻

N

K

S

Ajustar texto

General

Formato condicional

Dar formato como tabla

Normal

Bueno

Incorrecto

Neutral

Cálculo

Celda de co...

Insertar

Eliminar

Formato

Autosuma

Rellenar

Borrar

Ordenar y filtrar

Buscar y seleccionar

Crear un PDF

Portapapeles

Fuente

Alineación

Número

Estilos

Celdas

Edición

Adobe Acrobat

X31

Anexo 04

ANEXO 5

BASE DE DATOS DE HISTORIAL CLÍNICO PERROS ALIMENTADOS CON CASERO

CONSOLIDADO DE ANALISIS LABORATORIO - Excel

Frank Camara Llanos

Compartir

ArchivoInicioInsertarDisposición de páginaFórmulasDatosRevisarVistaAyudaAcrobat

CortarCopiarCopiar formatoPegar

Calibri12A^AA⁺

Ajustar textoCombinar y centrar

General

Formato condicionalDar formato como tabla

NormalBuenoIncorrectoNeutralCálculoCelda de co...

Insertar Eliminar Formato

AutosumaRellenarBorrar

Ordenar y filtrarBuscar y seleccionar

Crear un PDF

PortapapelesFuenteAlineaciónNúmeroEstilosCeldasEdiciónAdobe Acrobat

A1

PACIENT

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
PACIENT	LEUCOCITOS	Neutrofilos Abastondos	Neutrofilos segmentados	Linfocitos	Monocitos	Eosinofilos	Basofilos	Hemoglobina	Hematocrito	Hematies	Plaquetas	VCN	HCM	CCMH	RDW	VPM	TGO	TGP	FOSFATASA ALCALINA	Proteinas	Albumina	GLUCOSA	CORTISOL	Peso Kg	Sexo	VACUNAS	PITE Dosis	ANALITOS	ENFERMEDAD PERIODONTAL	EDAD	RAZA	H SALIV	VECES QUE COME AL DIA	SU ALIMENTACION EN QUE CONSISTE	
P001	10630	0	2	95.2	2.4	0.4	0	18.1	57.3	7780000	182000	73.7	23.3	31.6	15.6	11.2	44	30.4	102	6.96	3.78	95	5.1	20	M	C	NO	NO	NO	3	CRIOLLO	8.3	2	SOPAS Y SEGU	
P006	9610	0	20.5	77	1.7	0.8	0	18.9	61.7	7890000	206000	78.1	23.9	30.6	15	11	56.3	44.3	123	6.27	3.7	93	3.9	15	M	C	SI	NO	NO	2	Doberman Spanie	8	2	ACERA, PAPA Y	
P007	9400	0	22	74.4	3	0.6	0	12	35.3	4410000	383000	80.1	26.3	32.8	15.1	10.4	122.1	62.8	204	7.9	3.56	91	2.7	7	HE	C	SI	NO	NO	3	CRIOLLO	7.8	3	SEGUND	
P008	10030	0	12.4	84	3	0.6	0	17.6	52.6	6520000	185000	80.6	27	33.5	15.8	13.4	109.7	80.6	186	7.48	3.78	86	0.56	12	MC	I	NO	SI	NO	3	CRIOLLO	8	2	SOPAS	
P010	11130	0	11.4	83	4.7	0.9	0	18.5	53.1	6670000	165000	79.6	27.7	34.8	13.5	10.2	98.4	79.1	152	7.21	3.29	98	1.1	22	M	C	SI	NO	NO	2	PITBULL	7.8	2	SEGUND	
P012	9290	0	16.2	80.2	3	0.6	0	15.7	52.5	6830000	307000	76.9	23	29.9	13.5	10.8	96.9	28	177	7.26	3.51	91	0.7	6	H	C	SI	NO	NO	2	CRIOLLO	8.2	2	SOPAS Y SEGU	
P015	7830	0	10.6	85.6	2.8	1	0	16.4	46.4	6170000	188000	75.2	26.5	35.3	15.3	13.5	70.8	61	184	7.9	3.71	82.7	1.3	18	H	C	SI	NO	NO	3	CRIOLLO	7.6	2	ROZ POLLO Y Y	
P020	10970	0	10.8	86	2.3	0.9	0	13.6	44	5320000	64000	83.2	25.6	30.8	18.3	11.4	40.3	24.9	181	7.24	3.38	97	1.2	8	H	C	SI	NO	NO	2	schnauzer	7.2	2	POLLO Y AF	
P021	9290	0	11.1	86	2.1	0.8	0	13.3	44	5900000	93000	75.1	22.6	30.1	15.9	12.4	40.1	45	128	7.2	3.18	87	0.51	9	M	C	SI	NO	NO	3	POODLE	7.4	3	SEGUND	
P024	8250	0	11	86	2.6	1	0	7.8	22.8	3430000	51000	66.3	18.8	28.3	14.1	12.6	21.4	25.3	141	6.24	3.16	195.7	1.7	4	H	C	SI	NO	NO	2	SHITZU	7.8	3	SEGUNDO Y	
P027	9160	0	1.6	95	3	0	0.4	8.5	26.4	3380000	177000	78.2	25.2	32.2	19	11.2	55.3	59.8	123.3	6.95	3.11	62.6	0.7	10	M	C	SI	NO	NO	2	CRIOLLO	8.2	2	SOPAS	
P028	1020	0	21.7	74	3.7	0	0.6	17.5	50.9	6770000	182000	75.2	27.4	36.4	15.2	12.4	143.2	89.9	120	7.46	3.4	94.5	0.7	10	M	I	SI	NO	NO	2	CRIOLLO	7.8	3	SOPAS	
P029	10000	0	65	27.1	7.6	0	0.3	16.6	48.4	7560000	264000	64.1	22.4	35	14.6	8.8	155.4	92.8	144.1	6.74	3.22	95.2	0.88	7	M	I	NO	NO	NO	2	SHITZU	7.6	3	SEGUNDOS Y	
P032	6100	0	33	65.3	1	0.7	0	14.9	47.2	5600000	215000	84.3	24.8	29.4	14.2	14.8	30.8	54.8	210	7.11	3.24	95	1.5	8	M	C	SI	NO	NO	2	schnauzer	7.8	2	SEGUND	
P034	11080	0	14.3	81	4	0.7	0	12	35.2	4790000	169000	73.5	22.9	31.1	16	12.6	122	70.2	188	7	2.89	97	0.81	6	M	C	SI	NO	NO	2	CRIOLLO	7.8	2	SEGUND	
P035	10580	0	15.6	78.1	6	0.3	0	16.3	49.2	8530000	77000	75.4	25	33.2	16	10.9	118.8	63.5	249	6.86	3.21	83.2	0.71	15	M	C	SI	NO	NO	2	basset hound	7.8	3	SEGUNDO SOL	
P036	14320	0	29.3	63	7	0.7	0	16.4	48.9	6200000	200000	78.9	26.4	33.5	15	13.1	79.9	222.9	201	6.98	3.41	79.9	1	17	HE	C	SI	NO	NO	2	CRIOLLO	7.4	3	SEGUNDO Y	
P038	19430	0	30	66.2	3	0	0.8	15.5	49	6330000	302000	77.5	24.6	31.7	15.5	12.4	62.7	40	144.3	7.96	3.4	89.4	0.8	13	M	C	SI	NO	NO	2	CRIOLLO	7.4	5	SEGUND	
P039	11080	0	34.2	63.1	1.7	1	0	13.6	42.2	5700000	133000	74.1	22.2	29.9	17.3	12.4	38.1	23.2	129	7.67	3.46	103.2	0.6	12	H	I	NO	NO	NO	1	CRIOLLO	7.4	3	SEGUNDO Y	
P041	7310	0	30	67.1	2	0	0.9	7.3	26.8	4050000	91000	66	18	27.3	15.2	10.2	41.5	39.1	210.3	7.42	3.55	106.5	0.8	10	M	C	SI	NO	NO	4	CRIOLLO	8.2	2	SEGUND	
P043	10000	0	47.8	48	3.7	0	0.5	16.2	50.9	6390000	273000	79.7	25.3	31.7	15.3	12.1	32.7	33.6	245	7.24	2.88	102	0.7	11	H	C	SI	SI	NO	2	schnauzer	7.6	3	SOPAS Y SEGU	
P045	9880	0	21.7	75	3	0	0.3	8.6	25.6	3060000	39000	83.9	27.4	32.7	14.7	7.4	30	17.6	179.3	6.1	3.21	97	1.5	7	M	C	SI	SI	NO	4	CRIOLLO	7.4	3	SOPAS Y SEGU	
P047	9130	0	45	50.8	3.3	0.9	0	14.9	45.4	5890000	93000	77.1	25.3	32.8	17.6	11.3	41.5	42.1	183.4	7.14	3.09	79.8	2.1	8	M	C	NO	NO	NO	4	schnauzer	7.6	3	DESAYUNOS Y SEGU	
P049	6180	0	30.4	67	1.8	0	0.8	5.2	14.5	2070000	17000	70	25.1	35.9	0	0	92	23.3	211.9	5.84	2.36	97.3	3.4	7	H	C	SI	SI	NO	3	schnauzer	7.2	2	SEGUNDO Y	

ANEXO 6

REPORTE DEL ANÁLISIS DE LA REGIÓN 16S

1 Introduction
2 Library Construction and Sequencing
3 Bioinformatics Analysis Pipeline
4 Analysis Results
4.1 Sequencing data processing
4.2 OTU/ASV analysis and taxonomic annotation
4.2.1 Identification and taxonomic annotation
4.2.2 Relative abundance
4.2.3 Taxonomic abundance cluster heatmap
4.2.4 Venn and Flower diagram
4.2.5 The evolutionary tree in genus
4.3 Alpha Diversity Analysis
4.4 Beta Diversity Analysis
4.5 Community differences analysis
4.6 Correlation analysis
5 Appendix
6 References

16S Amplicon QIIME1 Analysis Report

Contract ID	X202SC23117102-Z01
Contract Name	TJ-PE-INBIOMEDIC-60-Microbial-Amplicon Metagenomic-16S V3V4- Novaseq 6000-100k WBI-Sta
Batch ID	X202SC23117102-Z01-F001
Amplified Region	16SV34
Primer Seq	CCTAYGGGRBGCASCAG.GGACTACNNGGTATCTAAT
Report Time	2024-01-15
Reminder	Partial results are presented in this report, while full results will be delivered in data release. Hyperlink of results in this report will be only valid in data release, after statement confirmation. If there are any doubts regarding the presentation of the final report's results or the file's location, pl

1 Introduction

16S ribosomal RNA (rRNA) is a component of the 30S small subunit of the ribosome in prokaryotic cells, containing 9 hypervariable regions (V1-V9), ranging from about 30-100 base pairs long that are involved in the secondary structure of the small ribosomal subunit. The degree of conservation varies widely between hypervariable regions, with more conserved regions correlating to higher-rank taxonomy and less conserved regions to lower ranks, such as genus and species. Therefore, 16S rDNA can be used in reconstructing bacterial phylogenies and classifications.

Sequence variation in the 16S gene is widely used to characterize diverse microbial communities. With the continuous development of high-throughput sequencing platforms, the PE250 sequencing strategy can be realized through the upgraded Illumina sequencing platform. For taxonomic classification, it is sufficient to sequence individual hypervariable regions instead of the entire gene. 16S rDNA amplicon sequencing technology gradually becomes an important method to study the composition and structure of the microbial communities in metagenomic samples.

Additionally, conservative regions enable the design of universal primers. Since 16S rDNA amplicon sequencing typically selects one or several hypervariable regions of interest, the universal primer used during PCR amplification is designed from the conservative regions that encompass the hypervariable regions of interest, which will allow for the identification of microorganisms from the hypervariable regions through subsequent analysis ([Caporaso et al., 2011](#); [Youssef et al., 2009](#); [Hess et al., 2011](#)).

In the process from DNA samples to final data, each step such as sample test, PCR, purification, library preparation, and

ANEXO 7

FICHA CLÍNICA DE MASCOTA ALIMENTADA CON COMIDA CASERA

ANEXO 03		
FICHA CLINICA DEL PACIENTE PARA EL PROYECTO DE INVESTIGACION		
TITULO: FACTORES ASOCIADOS A LA DETECCION MOLECULAR DE PATOGENOS EN CAVIDAD ORAL DE PERROS ALIMENTADOS A BASE DE 2 TIPOS DE DIETAS; HUANUCO - 2023		
Recomendación: Las mascotas previo al análisis deberán haber ayunado al menos 8 horas antes de la toma de muestra.		
FICHA N° <u>057</u>		
CONDICION:		
FECHA: <u>03/11/23</u>		
Perro alimentado con comida casera ()		
NOMBRE DEL PROPIETARIO: <u>Juan Sapien Luna</u>		
NOMBRE DE LA MASCOTA: <u>Buddy</u>		
FECHA DE NACIMIENTO: <u>07/11/19</u>		
PESO: <u>12 Kg.</u>		
SEXO:		
Macho (☒) Hembra () Macho castrado ()		
Hembra esterilizada ()		
PERFIL SANITARIO:		
Vacunas completas (☒) Vacunas Incompletas ()		
Marca de vacuna que utiliza:		
ZOETIS (☒) RECOMBITEK ()		
Si es otra marca especificar aquí: _____		
Repite dosis anual: SI (☒) NO ()		
La vacuna utilizada cubre las siguientes enfermedades:		
Mojillo canino (☒) Hepatitis (☒) Parainfluenza (☒)		
Coronavirus (☒) Parvovirus (☒) Leptospirosis (☒) Rabia (☒)		
Escaneado con CamScanner		
Existe presencia de:		
Halitosis (Si)		
Enfermedad periodontal (NO)		
EDAD: <u>4 años</u>		
RAZA:		
Criollo (☒) Si es otra raza especificar: _____		
pH DE SALIVA AL MOMENTO DE MUESTREO: <u>7.7</u>		
NIVEL DE CORTISOL: _____		
1. ¿Cuántas veces al día come su mascota?		
<u>2 VECES AL DIA.</u>		
2. ¿Su alimentación en qué consiste? Si responde puras croquetas		
<u>casera</u>		
¿cuál es la marca; la cantidad y las veces al día que suministra?		
<u>2 TAZAS comida casera.</u>		
3. ¿Cuántas presas le da al día a su mascota?		
<u>2 presas</u>		
4. ¿Qué cantidad de arroz suministra en el plato a su mascota? (Que responda por cucharas o cucharón).		
<u>2 CUCHARONES ARROZ.</u>		
5. ¿Con que cantidad de fideos, sémola, arroz, avena prepara la sopa de su mascota?		
<u>NO CONE FIDEOS, SOLO ARROZ.</u>		
6. Suministra verduras a su alimentación (zanahoria, zapallo; apio, espinaca, poro, tomate) ¿cuál es la cantidad?		
<u>NO</u>		
7. Suministra frutas a la dieta de sus mascotas cuales y ¿cuál es la cantidad y la frecuencia?		
<u>NO</u>		
Escaneado con CamScanner		
8. ¿Las presas que suministra en qué consisten; piernas, pechugas; patas; carne de res, Pescado; huevo; hígados; mollejas; patitas etc.? ¿Y cuál es la cantidad?		
<u>Pollo, res, Huevo.</u>		
9. ¿Qué proporción del plato ocupa la presa que da a su mascota?		
<u>1/2 plato.</u>		
OBSERVACIONES		
Nombre del personal que extrajo la muestra: <u>Jordan Montalvo</u>		
FIRMA DEL INVESTIGADOR <u>[Firma]</u> FECHA <u>03/11/23</u> HORA <u>12:00 pm.</u>		
Escaneado con CamScanner		

ANEXO 8

FICHA CLÍNICA DE MASCOTA ALIMENTADA CON COMIDA BALANCEADA

ANEXO 04

FICHA CLINICA DEL PACIENTE PARA EL PROYECTO DE INVESTIGACION

TITULO: FACTORES ASOCIADOS A LA DETECCION MOLECULAR DE
PATOGENOS EN CAVIDAD ORAL DE PERROS ALIMENTADOS A BASE
DE 2 TIPOS DE DIETAS; HUANUCO - 2023

Recomendación: Las mascotas previo al análisis deberán haber ayunado al
menos 8 horas antes de la toma de muestra.

FICHA N° 003 + 61

CONDICION:

FECHA: 11 10 23

Perro alimentado con comida balanceada (☒).

NOMBRE DEL PROPIETARIO: Romina Goicochea Zahura

NOMBRE DE LA MASCOTA: Brenda

FECHA DE NACIMIENTO: 14 05 21

PESO: 23 kg

SEXO:

Macho (☐) Hembra (☒) Macho castrado (☐)

Hembra esterilizada (☐)

PERFIL SANITARIO:

Vacunas completas (☒) Vacunas Incompletas (☐)

Marca de vacuna que utiliza:

ZOETIS (☒) RECOMBITEK (☐)

Si es otra marca especificar aquí: _____

Repite dosis anual: SI (☒) NO (☐)

La vacuna utilizada cubre las siguientes enfermedades:

Moquillo canino (☒) Hepatitis (☒) Parainfluenza (☒)
Coronavirus (☒) Parvovirus (☒) Leptospirosis (☒) Rabia (☒)

Escaneado con CamScanner

Existe presencia de:

Halitosis (☒ NO)

Enfermedad periodontal (☒ NO)

EDAD: 2 años

RAZA: Golden

Criollo (☐) Si es otra raza especificar: Golden Retriever

pH DE SALIVA AL MOMENTO DE MUESTREO: 8.2

NIVEL DE CORTISOL: _____

1. ¿Cuántas veces al día come su mascota?

2 veces

2. ¿Su alimentación en qué consiste? Si responde puras croquetas
¿cuál es la marca; la cantidad y las veces al día que suministra?

Ricocon multisabores
250 gr.
2 veces

OBSERVACIONES

Ninguna

Nombre del personal que extrajo la muestra: FRANK CARRA

CL 11-10-2023 19:47
FIRMA DEL INVESTIGADOR FECHA HORA

Escaneado con CamScanner

ANEXO 9

ANÁLISIS HEMATOLÓGICOS Y PH EN SALIVA DE LOS CANES QUE FORMARON PARTE DE LA INVESTIGACIÓN



CENTRO ESPECIALIZADO EN DIAGNÓSTICO Y LABORATORIO CLÍNICO E.I.R.L.
 CATEGORIZACION DIRESA N.º 1472- 2022 AV. ALAMEDA DE LA REPUBLICA Nº 544 PISO
 TELEFONO :028787 CEL. 962583625,962609115

NOMBRE P.002
 LOCALIZACION
 Nº DE EXAMEN 1
 INGRESADO 12/10/2023

HEMOGRAMA	RESULTADO	UNIDADES	RANGO REFERENCIA
LEUCOCITOS	12000	x 10/3	6000 a 17000
Neutrofilo Abastonado	0%		
Neutrofilo segmentado	11.2%		60-80%
Linfocitos	86%		13-15
Monocitos	2.1%		3-10%
Eosinofilos	0.7%		2-10%
Basofilos	0%		0-1
Hemoglobina	16.5	g/dl	12 a 18
Hematocrito	52.6	%	37-55
Hemates	6430000	x10/6	5.50 -8.50
Plaquetas	230000	x10/3	120 - 500
VCM	81.9	FL	60 -75
HCM	25.6	FL	19.5 -24.5
CCMH	31.3	PG	32 -38
RDW	15.3	%	
VPM	11.2	FL	
PERFIL HEPATICO			
TGO	45.3	U/L	13 -70
TGP	141.5	U/L	17-78
FOSFATASA ALCALINA	121	U/L	0-300
Proteinas	7.55	g/dl	5.3-7.9
Albumina	4.24	g/dl	2.3-3.8
GLUCOSA	77.3	g/dl	70 -105
CORTISOL	0.9	ug/dl	0.43 -1.0



Dr. M. C. Córdova Vela
 2022 N.º 1472



CENTRO ESPECIALIZADO EN DIAGNÓSTICO Y LABORATORIO CLÍNICO E.I.R.L.
 CATEGORIZACION DIRESA N.º 1472- 2022 AV. ALAMEDA DE LA REPUBLICA Nº 544 PISO
 TELEFONO :028787 CEL. 962583625,962609115

NOMBRE P.004
 LOCALIZACION
 Nº DE EXAMEN 1
 INGRESADO 12/10/2023

HEMOGRAMA	RESULTADO	UNIDADES	RANGO REFERENCIA
LEUCOCITOS	9010	x 10/3	6000 a 17000
Neutrofilo Abastonado	0%		
Neutrofilo segmentado	5.5%		60-80%
Linfocitos	90.9%		13-15
Monocitos	3%		3-10%
Eosinofilos	0.6%		2-10%
Basofilos	0%		0-1
Hemoglobina	10.6	g/dl	12 a 18
Hematocrito	34.7%		37-55
Hemates	4580000	x10/6	5.50 -8.50
Plaquetas	87000	x10/3	120 - 500
VCM	75.8	FL	60 -75
HCM	23.2	FL	19.5 -24.5
CCMH	30.6	PG	32 -38
RDW	17.4	%	
VPM	13	FL	
PERFIL HEPATICO			
TGO	30.5	U/L	13 -70
TGP	30	U/L	17-78
FOSFATASA ALCALINA	103	U/L	0-300
Proteinas	7.19	g/dl	5.3-7.9
Albumina	3	g/dl	2.3-3.8
GLUCOSA	101	g/dl	70 -105
CORTISOL	3.4	ug/dl	0.43 -1.0



Dr. M. C. Córdova Vela
 2022 N.º 1472



CENTRO ESPECIALIZADO EN DIAGNÓSTICO Y LABORATORIO CLÍNICO E.I.R.L.
 CATEGORIZACION DIRESA N.º 1472- 2022 AV. ALAMEDA DE LA REPUBLICA Nº 544 PISO
 TELEFONO :028787 CEL. 962583625,962609115

NOMBRE P.013
 LOCALIZACION
 Nº DE EXAMEN 1
 INGRESADO 20/10/2023

HEMOGRAMA	RESULTADO	UNIDADES	RANGO REFERENCIA
LEUCOCITOS	9910	x 10/3	6000 a 17000
Neutrofilo Abastonado	0%		
Neutrofilo segmentado	10.1%		60-80%
Linfocitos	88%		13-15
Monocitos	1.2%		3-10%
Eosinofilos	0.7%		2-10%
Basofilos	0%		0-1
Hemoglobina	15.2	g/dl	12 a 18
Hematocrito	51.1%		37-55
Hemates	6780000	x10/6	5.50 -8.50
Plaquetas	172000	x10/3	120 - 500
VCM	74.2	FL	60 -75
HCM	22.1	FL	19.5 -24.5
CCMH	29.8	PG	32 -38
RDW	13.8	%	
VPM	8.9	FL	
PERFIL HEPATICO			
TGO	22	U/L	13 -70
TGP	18.1	U/L	17-78
FOSFATASA ALCALINA	181	U/L	0-300
Proteinas	6.52	g/dl	5.3-7.9
Albumina	3.87	g/dl	2.3-3.8
GLUCOSA	94	g/dl	70 -105
CORTISOL	2.1	ug/dl	0.43 -1.0



Dr. M. C. Córdova Vela
 2022 N.º 1472



CENTRO ESPECIALIZADO EN DIAGNOSTICO Y LABORATORIO CLINICO E.I.R.L.*
CATEGORIZACION DIRESA N.º 1472- 2022 AV. ALAMEDA DE LA REPUBLICA Nº 544 PISO
TELEFONO :028787 CEL. 902583025,902609115

NOMBRE P.030
LOCALIZACION
Nº DE EXAMEN 1
INGRESADO 26/10/2023

HEMOGRAMA	RESULTADO	UNIDADES	RANGO REFERENCIA
LEUCOCITOS	13590	x 10/3	6000 a 17000
Neutrofilo Abastonado	0 %		
Neutrofilo segmentado	11.2 %		60-80%
Linfocitos	86 %		13-15
Monocitos	2.4 %		3-10%
Eosinofilos	0 %		2-10%
Basofilos	0.4 %		0- 1
Hemoglobina	18	g/dl	12 a 18
Hematocrito	55.8 %		37 -55
Hematies	7130000	x10/6	5.50 -8.50
Plaquetas	186000	x10/3	120 - 500
VCM	78.3	FL	60 -75
HCM	25.3	FL	19.5 -24.5
CCMH	32.3	PG	32 -38
RDW	15 %		
VPM	13.7	FL	
PERFIL HEPATICO			
TGO	29.9	U/L	13 -70
TGP	24.3	U/L	17-78
FOSFATASA ALCALINA	169	U/L	0-300
Proteinas	6.81	g/dl	5.3-7.9
Albumina	3.09	g/dl	2.3-3.8
GLUCOSA	89	g/dl	70 -105
CORTISOL	2.2	ug/dl	0.43 -1.0

CEOLAB/CLL
Dr. M. C. Córdova Vela
químico N.º 1002



CENTRO ESPECIALIZADO EN DIAGNOSTICO Y LABORATORIO CLINICO E.I.R.L.*
CATEGORIZACION DIRESA N.º 1472- 2022 AV. ALAMEDA DE LA REPUBLICA Nº 544 PISO
TELEFONO :028787 CEL. 902583025,902609115

NOMBRE P.042
LOCALIZACION
Nº DE EXAMEN 1
INGRESADO 28/10/2023

HEMOGRAMA	RESULTADO	UNIDADES	RANGO REFERENCIA
LEUCOCITOS	8550	x 10/3	6000 a 17000
Neutrofilo Abastonado	0 %		
Neutrofilo segmentado	40.1 %		60-80%
Linfocitos	53.7 %		13-15
Monocitos	4.2 %		3-10%
Eosinofilos	2 %		2-10%
Basofilos	0 %		0- 1
Hemoglobina	9.7	g/dl	12 a 18
Hematocrito	30.6 %		37 -55
Hematies	4610000	x10/6	5.50 -8.50
Plaquetas	187000	x10/3	120 - 500
VCM	66.5	FL	60 -75
HCM	21	FL	19.5 -24.5
CCMH	31.6	PG	32 -38
RDW	15.5 %		
VPM	11.7	FL	
PERFIL HEPATICO			
TGO	94.2	U/L	13 -70
TGP	64.4	U/L	17-78
FOSFATASA ALCALINA	123.1	U/L	0-300
Proteinas	7.9	g/dl	5.3-7.9
Albumina	3.63	g/dl	2.3-3.8
GLUCOSA	108.3	g/dl	70 -105
CORTISOL	0.9	ug/dl	0.43 -1.0

CEOLAB/CLL
Dr. M. C. Córdova Vela
químico N.º 1002



CENTRO ESPECIALIZADO EN DIAGNOSTICO Y LABORATORIO CLINICO E.I.R.L.*
CATEGORIZACION DIRESA N.º 1472- 2022 AV. ALAMEDA DE LA REPUBLICA Nº 544 PISO
TELEFONO :028787 CEL. 902583025,902609115

NOMBRE P.055
LOCALIZACION
Nº DE EXAMEN 1
INGRESADO 03/11/2023

HEMOGRAMA	RESULTADO	UNIDADES	RANGO REFERENCIA
LEUCOCITOS	18420	x 10/3	6000 a 17000
Neutrofilo Abastonado	0 %		
Neutrofilo segmentado	31.2 %		60-80%
Linfocitos	64.2 %		13-15
Monocitos	4 %		3-10%
Eosinofilos	0 %		2-10%
Basofilos	0.6 %		0- 1
Hemoglobina	14.3	g/dl	12 a 18
Hematocrito	43.4 %		37 -55
Hematies	5280000	x10/6	5.50 -8.50
Plaquetas	330000	x10/3	120 - 500
VCM	82.2	FL	60 -75
HCM	25.6	FL	19.5 -24.5
CCMH	31.2	PG	32 -38
RDW	15.2 %		
VPM	10.6	FL	
PERFIL HEPATICO			
TGO	53.4	U/L	13 -70
TGP	46.7	U/L	17-78
FOSFATASA ALCALINA	223.1	U/L	0-300
Proteinas	7.39	g/dl	5.3-7.9
Albumina	3.4	g/dl	2.3-3.8
GLUCOSA	90.6	g/dl	70 -105
CORTISOL	0.6	ug/dl	0.43 -1.0

CEOLAB/CLL
Dr. M. C. Córdova Vela
químico N.º 1002

ANEXO 10

MODELO DE CONSENTIMIENTO INFORMADO

ANEXO 5

CONSENTIMIENTO INFORMADO

Factores asociados a la detección molecular de patógenos en cavidad oral de perros alimentados a base de dos tipos de dieta Huánuco 2023.

Ficha N° 059

Investigador principal: Frank Erick cámara Llanos

Fuente de financiamiento: Universidad de Huánuco

Se le ha invitado a participar a su mascota de esta investigación. Este documento explica por qué se está llevando a cabo el estudio y cuál será su papel Si desea usted aceptar y participar. Antes de decidir por favor tome un tiempo que requiera para hacer preguntas.

¿Cuál es el propósito de este estudio?

El propósito Es identificar factores asociados en la detección molecular de patógenos de la cavidad oral de perros alimentados a base de dos tipos de dieta. Estos resultados permiten identificar cuánto varía la flora microbiana de la boca del perro en relación al alimento que consume.

¿Qué sucederá si su mascota participa del estudio?

A su mascota se le tomará muestra de sangre para evaluar su hemograma; su perfil de hepático y su glucosa además de ello se le realizará un hisopado de la boca y se extraerá una pequeña muestra de saliva, a través del hisopado obtendremos información sobre los tipos de bacterias que se encuentran presentes en la boca de su mascota, y a través el hemograma se verificará el estado de salud de su can.

¿Cuáles son los riesgos y efectos no deseados?

No existe riesgo alguno, es más se le proporcionará los datos de sus análisis al culminar el día para que su veterinario de cabecera pueda analizarlos y darle un diagnóstico de cómo se encuentra la salud de su animal

Si usted autoriza la participación de su mascota para el estudio ¿le costará algo?

Usted no tendrá que pagar nada por el estudio.

¿Cuáles son mis derechos y de mi mascota si decido que participe del estudio?

Escaneado con CamScanner

Si firma el siguiente documento usted decide participar del estudio si tiene alguna duda deberá comunicarse con el magister Frank cámara Llanos investigador principal cuyo correo electrónico es frank.camara@udh.edu.pe

DECLARACIÓN DEL PARTICIPANTE

He leído la información contenida en estas páginas de este documento tuve la oportunidad de hacer preguntas relacionadas con la participación de mi mascota por la cual fueron resueltas de manera satisfactoria y entendible doy mi consentimiento voluntario para que mi mascota participe de este estudio

Nombre del dueño de la mascota: Yaritza Duran Dolores

Firma del dueño: 

Fecha y hora: 03/11/2023 16:55 p.m.